

UNIVERSIDAD COMPLUTENSE DE MADRID
FACULTAD DE CIENCIAS BIOLÓGICAS
Departamento de Bioquímica y Biología Molecular I



TESIS DOCTORAL

**Análisis de la huella genética de la transición mesotelio mesenquimal:
caracterización de nuevos marcadores en diálisis peritoneal**

MEMORIA PARA OPTAR AL GRADO DE DOCTOR

PRESENTADA POR

Vicente Ruiz Carpio

Directores
Manuel López Cabrera
Abelardo Isaac Aguilera Peralta

Madrid, 2016

UNIVERSIDAD COMPLUTENSE DE MADRID
FACULTAD DE CC. BIOLÓGICAS
DEPARTAMENTO DE BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR I

ANÁLISIS DE LA HUELLA GENÉTICA DE LA TRANSICIÓN MESOTELIO MESENQUIMAL: CARACTERIZACIÓN DE NUEVOS MARCADORES EN DIÁLISIS PERITONEAL.



Memoria presentada para optar al grado de Doctor por:

Vicente Ruiz Carpio

Tesis dirigida por:

Dr. Manuel López Cabrera

Centro de Biología Molecular "Severo Ochoa" (UAM-CSIC)

Dr. Abelardo Isaac Aguilera Peralta

Hospital Universitario la Princesa – Instituto Princesa (IP)

Madrid, 2015

Esta tesis doctoral se ha podido realizar gracias a la obtención de una Beca para la Formación de Personal Investigador (FPI) del Ministerio de Economía y Competitividad (SAF2007-61201), realizándose dicho trabajo entre la Unidad de Biología Molecular del Hospital Universitario de La Princesa (Madrid) y el Departamento de Biología Celular e Inmunología del Centro de Biología Molecular “Severo Ochoa” (UAM-CSIC, Madrid).

*Ser biólogo no es un trabajo;
es elegir un modo de vida.*

Ernst Mayr.

AGRADECIMIENTOS

Quisiera expresar mi más profundo y sincero agradecimiento al Dr. Manuel López Cabrera, por haberme dado esta oportunidad e introducirme en el mundo de la ciencia. Sin lugar a dudas, ha sido mi Maestro, alguien que aunque estuviera saturado de trabajo, siempre tenía tiempo para ayudarte y podías ir a consultarle en cualquier momento, te aportaba ideas nuevas cuando estabas bloqueado y, para mí lo más importante, te contagiaba su pasión por lo que hacíamos. Gracias por todo ello.

Al Dr. Abelardo Aguilera Peralta, por su ayuda, su guía y su consejo en la elaboración de los estudios estadísticos y la interpretación de los datos clínicos, en un intento de dar una aplicación práctica a todo este ingente esfuerzo.

A los numerosos compañeros con los que he coincidido en algún momento en la Unidad de Biología Molecular del Hospital Universitario de La Princesa y en el laboratorio del Dr. López Cabrera en el Centro de Biología Molecular “Severo Ochoa” (UAM-CSIC), ambos en Madrid, por haberme enseñado, guiado, aconsejado y ayudado durante la realización de este trabajo. Gracias los compañeros con los que he estado trabajando más estrechamente: Jesús, Lupe, Pilar, María Luisa, Ángela, Adrián y sobre todo Patricia, por enseñarme las distintas técnicas que usábamos en el laboratorio y por haber tenido que soportar el acoso de mis innumerables dudas. Al Dr. Pedro Majano por su apoyo; Paqui, que me presentó los misterios de la microscopía confocal; e Iñaki, mi compañero en el banco de trabajo y del que simplemente viéndole trabajar he aprendido el día a día del laboratorio. A Samuel, Paloma, Rosario, Yoli y Ángel, por sus útiles consejos. Y a Matilde y Rosa, por hacer que fuera más ameno el trabajo de cada día. Sin ellos nada de esto hubiera sido posible.

Quisiera expresar mi agradecimiento al Dr. Jesús García Cantalejo y a Pedro Botías Talamantes, ambos del Parque Científico de Madrid (Campus de Moncloa), por su inestimable ayuda y asesoramiento a la hora de realizar y analizar los resultados de los microarrays.

A Janine Büchel y Alice Krebs, de Fresenius Medical Care (Alemania), por su apoyo y ayuda en la realización de estos estudios.

Y por último, agradecer a mi familia y amigos el simple hecho de haber estado ahí, a mi hermana, a mi abuela, especialmente a mi madre, que siempre ha sido la piedra angular de la familia, y a mi padre que aunque ya no esté con nosotros, continúa enseñándome a través de su ejemplo y su recuerdo.

A todos vosotros, infinitas gracias.

ABREVIATURAS.....	1
ABSTRACT.....	3
RESUMEN	7
INTRODUCCIÓN.....	11
1. Transición mesotelio mesenquimal.....	13
1.1. Definición y características generales.....	13
1.2. Señalización mediante TGF- β : Rutas canónica y no canónicas.....	16
1.3. Procesos biológicos en los que interviene la transición mesenquimal.....	19
1.3.1. Procesos fisiológicos.....	19
1.3.2. Procesos patológicos.....	21
1.3.3. Tipos de transición mesenquimal.....	23
2. Membrana peritoneal.....	24
2.1. Estructura de la membrana peritoneal.....	24
2.2. Funciones de la membrana peritoneal.....	25
3. Diálisis peritoneal.....	26
3.1. Diálisis peritoneal como tratamiento.....	26
3.2. Alteraciones asociadas con la diálisis peritoneal.....	29
3.3. MMT y diálisis peritoneal.....	32
OBJETIVOS.....	35
MATERIAL Y MÉTODOS.....	39
1. Obtención, aislamiento y cultivo de células mesoteliales de peritoneo humano.....	41
2. Purificación de células, lisis, precipitación y cuantificación de ARNm.....	42
3. Realización de los microarrays.....	44
3.1. Estudios “ <i>ex vivo</i> ”.....	44
3.1.1. Validación de las muestras control.....	45
3.1.2. Hibridaciones de las muestras “ <i>ex vivo</i> ”.....	47
3.2. Estudios “ <i>in vitro</i> ”.....	49
4. Validación de los microarrays mediante PCR cuantitativa en tiempo real..	51

5. Expresión génica diferencial y análisis de los microarrays.....	55
5.1. Procesamiento de los datos y normalización.....	56
5.2. Expresión génica diferencial.....	57
6. Estudios mediante ARNm, proteínas y datos clínicos.....	58
6.1. PCR cuantitativa en tiempo real.....	59
6.2. Silenciamiento de <i>GREM1</i>	60
6.3. Western-Blot.....	61
6.4. ELISA.....	62
7. Análisis estadísticos y programas informáticos.....	63
RESULTADOS.....	65
1. Resultados de las hibridaciones mediante microarrays.....	67
1.1. Estudios “ <i>in vitro</i> ”.....	67
1.2. Estudios “ <i>ex vivo</i> ”.....	70
1.2.1. Controles “ <i>ex vivo</i> ”.....	70
1.2.2. Análisis de las muestras de pacientes.....	71
1.3. Comparación de la expresión génica diferencial “ <i>in vivo</i> ” y “ <i>ex vivo</i> ”.....	75
1.4. Estudios de agrupamiento o clustering.....	79
2. Validación mediante PCR cuantitativa en tiempo real.....	81
3. Análisis de anotación funcional.....	86
4. Resultados de los estudios realizados mediante el análisis del ARNm.....	100
5. Resultados de los estudios realizados mediante el análisis de proteínas.....	109
DISCUSIÓN.....	119
1. Expresión diferencial de genes.....	121
2. Análisis funcional.....	123
3. Estudios en pacientes.....	124
3.1. Análisis de ARNm.....	131
3.2. Análisis de proteínas.....	134
CONCLUSIONES.....	137
BIBLIOGRAFÍA.....	141
ANEXO 1: Validación técnica de los microarrays.....	163
1. Resultados de las validaciones técnicas de los microarrays.....	165

1.1. Estudios “ <i>in vitro</i> ”	165
1.2. Estudios “ <i>ex vivo</i> ”	166
1.2.1. Validaciones de los controles de omento	166
1.2.2. Validaciones de la muestras de pacientes en diálisis peritoneal	168
 ANEXO 2: Genes diferencialmente expresados en los estudios de microarrays	 171
 ANEXO 3: Publicaciones científicas	 283

ABREVIATURAS

AGE	Advanced glycation end-products (Productos de glicosilación avanzada)
bHLH	Basic helix-loop-helix (Hélice-bucle-hélice básica)
BMP	Bone morphogenetics protein (Proteína morfogénica ósea)
CAPD	Continuous ambulatory peritoneal dialysis (Diálisis peritoneal ambulatoria continuada)
COX-2	Cyclooxygenase-2 (Ciclooxigenasa-2)
CSC	Cancer stem cell (Célula madre tumoral)
E-CDH	E-Cadherina
ECM	Extracellular matrix (Matriz extracelular)
EGF	Epidermal growth factor (Factor de crecimiento epidérmico)
EMT	Epithelial-Mesenchymal Transition
EndMT	Endothelial-Mesenchymal Transition
Erk	Extracellular signal-regulated kinase (Quinasa regulada por señal extracelular)
FGF	Fibroblast growth factor (Factor de crecimiento de fibroblastos)
FN	Fibronectina
FSP-1	Fibroblast-specific protein-1 (Proteína específica de fibroblasto 1)
GDP	Glucose degradation products (Productos de degradación de la glucosa)
GSK-3 β	Glycogen synthase kinase 3 β Gglucógeno sintasa quinasa 3 β)
HPMCs	Human peritoneal mesothelial cells (Células mesoteliales peritoneales humanas)
ICAM-1	Intercellular adhesion molecule-1 (Molécula de adhesión intercelular-1)
IKK	Inhibitor of κ B kinase (Inhibidor de la quinasa κ B)
IL	Interleucina
INF- γ	Interferon- γ (Interferón- γ)
JNK	Jun amino-terminal kinase (Quinasa amino terminal Jun)
LFA1	Lymphocyte function-associated antigen-1 (Antígeno 1 asociado a función linfocitaria)
MAP	Mitogen-activated protein (Proteína mitógeno activada)
MAPK	MAP kinase (MAP quinasa)
MET	Mesenchymal-Epithelial Transition
MMP	Metaloproteinasa
MMT	Mesothelial-Mesenchymal Transition
MSC	Mesenchymal stem cell (Célula madre mesenquimal)
mTORC	Mammalian target of rapamycin (Diana de mamífero a rapamicina)
N-CDH	N-Cadherina
NF- κ B	Nuclear factor kappa-light-chain-enhancer of activated B cells (Factor nuclear potenciador de las cadenas ligeras kappa de las células B activadas)
PAI	Plasminogen activator inhibitor (Inhibidor del activador de plasminógeno)
PDGF	Platelet-derived growth factor (Factor de crecimiento derivado de plaquetas)

Abreviaturas

PET	Peritoneal equilibration test (Test de equilibrio peritoneal)
PI3K	Phosphoinositide 3 kinase (Fosfoinositol 3 quinasa)
PMN	Polymorphonuclear (Polimorfonuclear)
RAGE	Receptor for AGE (Receptor de AGE)
ROS	Reactive oxygen species (Especies reactivas del oxígeno)
TAB	TAK-associated binding protein (Proteína de unión asociada a TAK)
TAK1	TGF- β -activated kinase 1 (Quinasa activada por TGF- β)
TEM	Transición Epitelio Mesenquimal
TEndM	Transición Endotelio Mesenquimal
TGF- β	Transforming growth factor- β (Factor de crecimiento transformante)
TME	Transición Mesenquimo Epitelial
TMM	Transición Mesotelio Mesenquimal
TNF- α	Tumor necrosis factor (Factor de necrosis tumoral- α)
tPA	Tissue plasminogen activator (Activador tisular del plasminógeno)
TRAF6	Tumour necrosis factor receptor-associated factor 6 (Factor 6 asociado al receptor de factor de necrosis tumoral)
uPA	Urokinase plasminogen activator (Activador del plasminógeno uroquinasa)
VCAM-1	vascular cell adhesion molecule-1 (molécula de adhesión celular vascular-1)
VEGF	Vascular endothelial growth factor (Factor de crecimiento del endotelio vascular)
ZEB	Zinc finger E-box binding homeobox
ZO-1	Zonula Occludens
α -SMA	alpha Smooth muscle actin (Actina de músculo liso alfa)

ABSTRACT

TITLE: ANALYSIS OF GENETIC FINGERPRINT OF MESOTHELIAL-MESENCHYMAL TRANSITION: CHARACTERIZATION OF NEW MARKERS IN PERITONEAL DIALYSIS.

INTRODUCTION: The mesothelium mesenchymal transition (MMT) is a biological process involved in physiological and pathological processes. Mesothelial cells (MC) lose their characteristics and acquire a mesenchymal phenotype with invasive capacity. This phenomenon is involved in membrane damage during peritoneal dialysis; a renal replacement therapy that includes the introduction of a dialysis fluid in the peritoneal cavity and through the peritoneal membrane, removing excess water and small solutes. Therefore, if we find biomarkers of MMT, we can improve treatment.

OBJECTIVES: To determine the genetic fingerprint of the MMT by microarray, using mesothelial cells obtained from patients on peritoneal dialysis (PD) and omentum-derived mesothelial cells transdifferentiated in vitro. To validate a number of selected markers by qPCR, and determination proteins in cell culture supernatants, to establish the clinical value of some of the biomarkers measured in the PD effluents.

METHODOLOGY: microarrays were used to establish the genetic fingerprint of the MMT in MC obtained from omentum or effluents. RT-qPCR was used to validate the data. mRNA extraction of MC, RT-qPCR and protein determination by ELISA were performed to analyze these results respect the clinical parameters. A functional analysis was performed to find significant annotations.

RESULTS: The genetic fingerprint of MMT in MCs of PD patients (*ex vivo*) and in MCs transdifferentiated *in vitro* was performed. *In vitro* model 141 induced and 270 repressed genes were obtained when genes were compared with control omentum MCs. In *ex vivo* model, two phenotypes were defined, an early MMT state (Epithelioid phenotype), and an advanced MMT state (Non-Epithelioid phenotype). In Epithelioid phenotype 136 induced and 279 repressed genes change their expression when it was compared with a MCs derived from omentum, and in Non-Epithelioid phenotype 365 induced and 791 repressed genes were obtained. 68 induced and 202 repressed genes were common in both phenotypes. The number of genes that change their genetic expression in Non-Epithelioid phenotype compared with the Epithelioid phenotype was 130 induced and 238 repressed genes. In all cases, the number of repressed genes was greater than induced genes and the number of change their expression in Non-Epithelioid phenotype was greater than the Epithelioid phenotype.

Comparing both models, 21 induced and 79 repressed genes were commonly expressed in Non-Epithelioid, Epithelioid and *in vitro* model; 23 induced and 80 repressed genes were common expressed in Epithelioid and *in vitro* model; and 79 induced and 150 repressed genes were common expressed in Non-Epithelioid and *in vitro* model. These results indicated that exist a partial overlapping in the differential gene expression between *in vitro* and *ex vivo* models and that the MMT is, essentially, a repressive process of gene expression.

Cluster analysis was performed with the genetic fingerprint, and this analysis classified correctly the samples in Epithelioid or Non-Epithelioid phenotypes. So, the genetic fingerprint can be used to distinguish between an early MMT stage and an advanced MMT state.

Functional analysis showed significant annotations related with the MMT process. In Epithelioid phenotype was repressed development process. In Non-Epithelioid phenotype were induced annotations implicated in migration, cell motility, angiogenesis, vessels formation and VEGF production; and repressed epithelial development or cell adhesion.

45 genes were selected to validate the microarray studies. By RT-qPCR of these genes, 17 were selected for studies of clinical parameters on patients in PD and clinical parameters. When mRNA were grouped by Epithelioid or Non-Epithelioid phenotype, *CD44*, *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *MMP1*, *TFPI2*, *THBS1*, *VEGFA*, *CDH1*, *KDR* and *THBD* showed significant differences. mRNA were grouped by biocompatibility of PD fluids and *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *THBS1*, *VEGFA*, *AQP1* and *CDH1* presented significant differences between bioincompatible and biocompatible fluids. *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *GREM1*, *MMP1* and *THBS1* correlated directly with ultrafiltration.

Proteins were analyzed in plasma of patients PD and in supernatant of effluents-derived-MCs cultures. Samples were grouped by Epithelioid or Non-Epithelioid phenotype and only *MMP1* in plasma, and *TSP1*, *VEGF*, *MMP1*, *CDH13* and *GREM1* in supernatant showed statistically significant differences.

Also presented statistically significant differences in *TSP1* measured in patient effluents when the protein was grouped by Epithelioid and Non-Epithelioid phenotype, and Cr-MTC<11 or Cr-MTC>11; and correlated directly with the elongation of the cells. *VEGF* in effluents showed statistically difference when samples were grouped by Epithelioid and Non-Epithelioid phenotype, Cr-MTC<11 and Cr-MTC>11, and bioincompatible and biocompatible PD fluids. *VEGF* correlated directly with elongation of the cells and *TSP1* in effluents.

CONCLUSIONS: MMT is a repressive process; number of repressed genes is greater than the induced genes. Number of differential expressed genes in Non-Epithelioid phenotype is greater than Epithelioid phenotype. Genetic change increased with progression of MMT. Exist a partial overlap between the fingerprint of *in vitro* and *ex vivo* models. Genetic fingerprint group samples in Epithelioid or Non-Epithelioid phenotype in good manner, these genes can be used to distinguish between early or advanced MMT state. *CD44*, *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *MMP1*, *TFPI2*, *THBS1*, *VEGFA*, *CDH1*, *KDR* and *THBD* showed different expression between Epithelioid and Non-Epithelioid phenotype and can be biomarkers of MMT progression. *CDH13*, *COL6A3*,

COL13A1, *KRT34*, *MMP1*, *THBS1*, *VEGFA* and *CDH1* showed different expression between bioincompatible and biocompatible fluids, these molecules can be markers of peritoneal membrane damage. *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *MMP1*, *THBS1* and *VEGFA* correlated between them. This indicate a strong relation one which others and their possible importance in MMT. TSP1 and VEGF in patient effluents can be used as biomarker of MMT and peritoneal damage. GREM1 in effluents can be a marker of MMT. We proposed that *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *MMP1*, *GREM1*, *THBS1*/TSP1 and VEGF can be used as biomarkers of MMT and used in develop of diagnostic chip of functional state of peritoneal membrane in patients in PD.

RESUMEN

TÍTULO: ANÁLISIS DE LA HUELLA GENÉTICA DE LA TRANSICIÓN MESOTELIO MESENQUIMAL: CARACTERIZACIÓN DE NUEVOS MARCADORES EN DIÁLISIS PERITONEAL.

INTRODUCCIÓN: La transición mesotelio mesenquimal (TMM) es un proceso biológico implicado en procesos fisiológicos y patológicos. Las células mesoteliales (CM) pierden sus características y adquieren un fenotipo mesenquimal con capacidad invasiva. Este fenómeno está implicado en el daño de membrana durante la diálisis peritoneal, un tratamiento de sustitución renal consistente en la introducción de un líquido de diálisis en la cavidad peritoneal y gracias a la membrana peritoneal, eliminar el exceso de agua y pequeños solutos. Por este motivo, si encontramos buenos biomarcadores de TMM podríamos mejorar el tratamiento.

OBJETIVOS: Determinar la huella genética de la TMM por microarrays de células mesoteliales obtenidas de pacientes en diálisis peritoneal (DP) y células mesoteliales de omento transdiferenciadas in vitro. .Validación de un número de marcadores seleccionados de los estudios de microarrays por qPCR y determinación de la proteína en sobrenadantes de cultivo celular, establecer el valor clínico de algunos de los biomarcadores medidos en el efluente de Iso pacientes en DP.

METODOLOGÍA: Se emplearon microarrays para establecer la huella genética de la TMM en CM obtenidas a partir de omentos o efluentes. RT-qPCR se utilizó para validar estos datos. La extracción de ARNm de CM, RT-qPCR y determinación de proteína mediante ELISA se realizaron para analizarlo

respecto los parámetros clínicos. Se realizó un análisis funcional para encontrar anotaciones significativas.

RESULTADOS: Al determinar la huella genética de TMM en CM de pacientes en DP (*ex vivo*) y CM transdiferenciadas *in vitro*, este modelo mostró 141 genes inducidos y 270 reprimidos cuando se comparó con CM de omento. En el modelo *ex vivo*, dos fenotipos fueron definidos, un estado temprano (Epitelioide), y un estado avanzado (No Epitelioide). En Epitelioide, 136 genes inducidos y 279 reprimidos cambiaron su expresión al comparar con CM derivadas de omento. En No Epitelioide fueron 365 genes inducidos y 791 reprimidos. 68 genes inducidos y 202 reprimidos fueron comunes en ambos. El número de genes que cambian su expresión en No Epitelioide respecto Epitelioide fue 130 genes inducidos y 238 reprimidos. En todos los casos, el número de genes reprimidos fue mayor que inducidos y los genes que cambian su expresión en No Epitelioide fue mayor que en Epitelioide.

Al comparar ambos modelos, 21 genes inducidos y 79 reprimidos eran comunes en No Epitelioide, Epitelioide e *in vitro*; 23 genes inducidos y 80 reprimidos eran comunes en Epitelioide e *in vitro*; y 79 genes inducidos y 150 reprimidos eran comunes en No Epitelioide e *in vitro*. El número de genes reprimidos es mayor que inducidos. Esto indica que existe un solapamiento parcial en la expresión génica diferencial entre *in vitro* y *ex vivo* y que la TMM es, esencialmente, un proceso represor de genes.

El análisis de agrupamiento clasificó correctamente las muestras en Epitelioide o No Epitelioides. Esta huella genética se puede utilizar para distinguir entre una etapa temprana y un estado avanzado de la MMT.

El análisis funcional mostró anotaciones significativas relacionadas con la TMM. En Epitelioide fueron reprimidos procesos de desarrollo. En No Epitelioide fueron inducidas anotaciones implicados en migración, motilidad celular, angiogénesis, formación de vasos y producción de VEGF; y en reprimidos el desarrollo epitelial o la adhesión celular.

45 genes fueron seleccionados para validar los microarrays. De estos, 17 fueron escogidos para estudios en pacientes en DP y parámetros clínicos. Cuando el ARNm se agrupó por Epitelioide o No Epitelioide, *CD44*, *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *MMP1*, *TFPI2*, *THBS1*, *VEGFA*, *CDH1*, *KDR* y *THBD* mostraron diferencias significativas. Cuando se agrupó según biocompatibilidad del líquido, *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *THBS1*, *VEGFA*, *AQP1* y *CDH1* presentaron diferencias significativas entre bioincompatible y biocompatibles. *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *GREM1*, *MMP1* y *THBS1* mostraron una correlación directa con la ultrafiltración.

Las proteínas se analizaron en el plasma de pacientes en DP y en sobrenadante de CM de efluentes. Las muestras se agruparon en Epitelioide o No Epitelioide y sólo *MMP1* en el plasma, y *TSP1*, *VEGF*, *MMP1*, *CDH13* y *GREM1* en sobrenadante mostraron diferencias significativas.

También presentaron diferencias significativas *TSP1* en efluentes cuando la proteína se agrupa en Epitelioide y No Epitelioide, y Cr-MTC<11 o Cr-MTC>11; y correlacionó directamente con la elongación celular. *VEGF* en los efluentes mostró diferencias en Epitelioide y No Epitelioide, Cr-MTC<11 y Cr-MTC>11, y líquidos bioincompatibles y biocompatibles. *VEGF* correlaciona directamente con la elongación celular y *TSP1* en efluentes.

CONCLUSIONES: la TMM es un proceso represivo; el número de genes reprimidos es mayor que los inducidos. Los genes diferencialmente expresados en No Epitelioide son mayores que en Epitelioide. Los cambios genéticos aumentaron con la progresión de la TMM. Existe un solapamiento parcial entre los modelos *in vitro* y *ex vivo*. Las muestras se agrupan en Epitelioide o No Epitelioide correctamente; estos genes se pueden utilizar para distinguir entre TMM temprana o avanzada. *CD44*, *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *MMP1*, *TFPI2*, *THBS1*, *VEGFA*, *CDH1*, *KDR* y *THBD* mostraron diferente expresión entre Epitelioide y No Epitelioide, pueden ser biomarcadores de progresión de TMM. *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *MMP1*, *THBS1*, *VEGFA* y *CDH1* mostraron diferente expresión entre líquidos bioincompatibles y biocompatibles, pueden ser marcadores de daño de membrana peritoneal.

CDH13, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *MMP1*, *THBS1* y *VEGFA* correlacionan entre ellos, indicando una fuerte relación entre ellos y su posible importancia en la TMM. TSP1 y VEGF en efluentes de pacientes se pueden utilizar como biomarcadores de TMM y daño peritoneal. GREM1 en efluentes puede ser un biomarcador de TMM. Proponemos que *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *MMP1*, *GREM1*, *THBS1/TSP1* y VEGF se pueden utilizar como biomarcadores de TMM y utilizar para desarrollar un chip diagnóstico del estado funcional de la membrana peritoneal en pacientes en DP.

INTRODUCCIÓN

1. TRANSICIÓN MESOTELIO MESENQUIMAL

1.1. DEFINICIÓN Y CARACTERÍSTICAS GENERALES

Fue en 1982 cuando Gary Greenburgh y Elizabeth D. Hay¹ describieron por primera vez lo que más adelante se denominaría como *Transición Epitelio Mesenquimal (TEM)* o *Epithelial-Mesenchymal Transition (EMT)*. De forma general, este proceso biológico puede definirse como la pérdida de las características propias de una célula epitelial adquiriendo en su lugar las cualidades típicas de una célula mesenquimal. Sin embargo, este cambio no es irreversible y mediante el proceso de la *Transición Mesenquimo Epitelial (TME)* o *Mesenchymal-Epithelial Transition (MET)* una célula mesenquimal puede recuperar su estado epitelial original².

Pero la célula epitelial no es la única que puede sufrir estos cambios en sus características. Podemos partir de una célula endotelial, en cuyo caso hablaremos de *Transición Endotelio Mesenquimal (TEndM)* o *Endothelial-Mesenchymal Transition (EndMT)*³; o de una célula mesotelial, refiriéndonos entonces a este fenómeno como *Transición Mesotelio Mesenquimal (TMM)* o *Mesothelial-Mesenchymal Transition (MMT)*⁴.

Las células mesoteliales se originan en el mesodermo, presentando características propias de células epiteliales y células endoteliales, como son la polaridad apico-basal, la presencia de microvellosidades en la parte apical, la existencia de uniones intercelulares en los contactos célula a célula, o el descansar sobre una membrana basal. Las células presentan un aspecto redondeado, más o menos poligonal, denominado *empedrado*^{5,6}. Debido a estas similitudes con la célula epitelial, hay autores que consideran a la célula mesotelial como una célula epitelial especializada⁷ y es común encontrar trabajos en los que se habla de *Transición Epitelio Mesenquimal de las células mesoteliales* en vez de Transición Mesotelio Mesenquimal, siendo este un término de uso más reciente.

La MMT (Figura 1) es un proceso complejo en el que se ven envueltos multitud de diversos factores. En primer lugar se produce una pérdida de las uniones intercelulares debido a la disminución en la expresión de las proteínas que forman dichas uniones, tales como E-cadherina (**E-CDH**), Ocludina, Claudina, Zonula Occludens-1 (**ZO-1**). También es característica la disminución de citoqueratinas. Se produce una pérdida de las microvellosidades apicales y debido a una reorganización del citoesqueleto se pierde la polaridad apico-basal típica de las células mesoteliales, adoptando una morfología de tipo mesenquimal o fibroblastoide. A la vez, se produce un aumento en la expresión de proteínas tales como Fibronectina (**FN**), Vimentina, Colágeno I y III, Proteína específica de fibroblasto-1 (Fibroblast-specific protein-1; **FSP-1**), Actina de músculo liso alfa (alpha-smooth muscle actin; **α -SMA**), N-Cadherina (**N-CDH**) y Snail-1. Aumenta la producción de proteínas de matriz extracelular (Extracellular matrix; **ECM**) y metaloproteinasas (**MMPs**), lo que produce una degradación de la membrana basal, confiriendo capacidad invasiva a la célula⁸⁻¹³ (Figura 2).

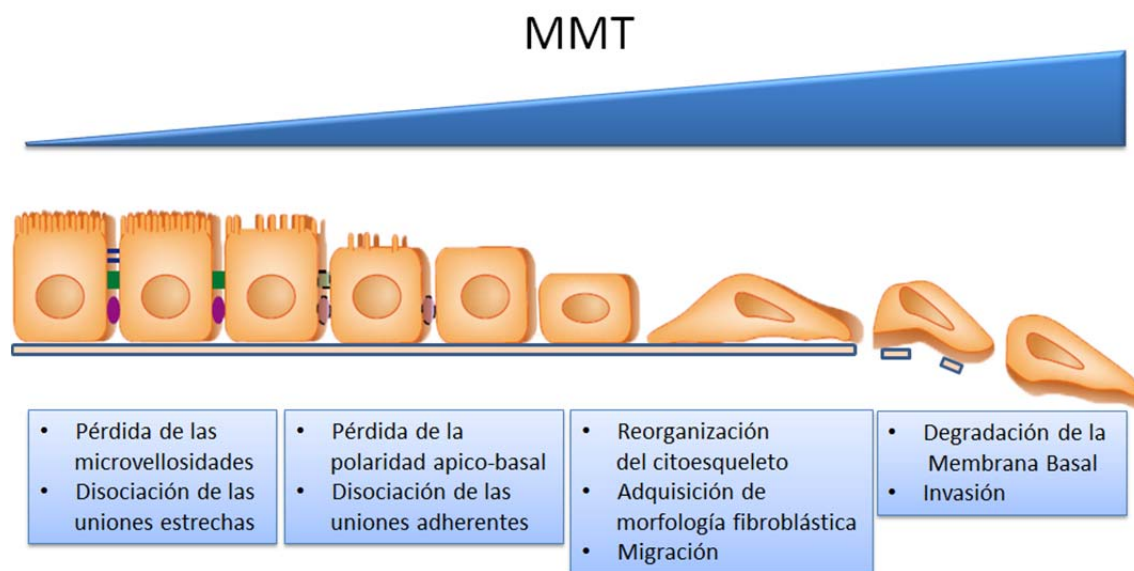


Figura 1: Proceso general de la Transición Mesotelio Mesenquimal (MMT).

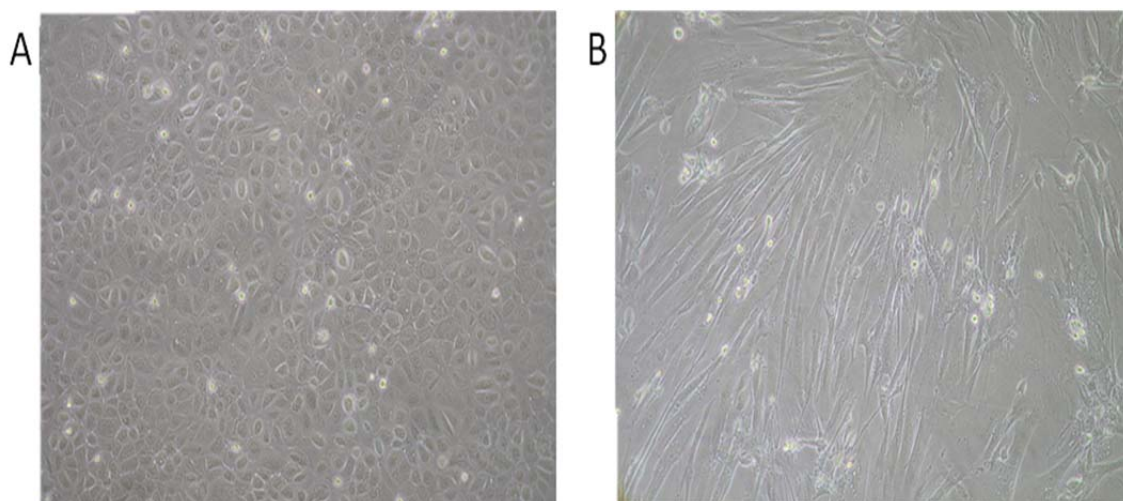


Figura 2: Cultivos de células mesoteliales peritoneales humanas obtenidas a partir de efluentes de pacientes en diálisis peritoneal. A: fenotipo empedrado o cobblestone, propio de células mesoteliales normales. B: fenotipo mesenquimal o fibroblastoide, característico de células que sufren una MMT.

Moléculas promotoras de la transición	Marcadores mesoteliales	Marcadores mesenquimales
TGF- β 1	E-cadherina	N-cadherina
FGF-2	Citoqueratinas	Snail
EGF	Claudinas	FSP-1
Ang 2	Ocludinas	TGF- β 1
PDGF	Calretinina	Fibronectina
IL-1	ZO-1	Colágeno I y III
AGE	WT1	α -SMA
MMP2 y 3	VEGFR2	VEGF
Colágeno I	ICAM-1	MMP2 y 9
		NRP1
		PAI-1

Tabla 1: Principales promotores y marcadores de transición mesotelio mesenquimal.

Existen diversas moléculas capaces de inducir MMT actuando a través de distintas rutas metabólicas, entre los que cabe destacar: Factor de crecimiento transformante- β (Transforming growth factor- β ; **TGF- β**), Factor de crecimiento de fibroblastos (Fibroblast growth factor; **FGF**), Factor de crecimiento epidérmico (Epidermal growth factor; **EGF**), Factor de crecimiento derivado de plaquetas (Platelet-derived growth factor; **PDGF**), Angiotensina II, Inteleucina-1 (**IL-1**), Productos de glicosilación avanzados (Advanced glycation

end-products; **AGE**), MMP-2 y 3, Colágeno I¹⁴. Estas moléculas producen un aumento de factores de transcripción en el núcleo de la célula, como Snail1 y 2, ZEB1 y 2, o Twist, que se encargan de regular los genes involucrados en la MMT (Tabla 1). Dado que *in vivo* estas moléculas inductoras de MMT no se presentan aisladas y que se establecen relaciones complejas entre ellas, es difícil determinar la contribución de cada una de ellas a este proceso.

1.2. SEÑALIZACIÓN MEDIANTE TGF- β : RUTAS CANÓNICA Y NO CANÓNICAS

El TGF- β es uno de los inductores de MMT más estudiados. Pertenece a una superfamilia de proteínas, entre las que se incluyen las Proteínas morfogénicas óseas (Bone morphogenetic proteins; **BMPs**), presentando tres isoformas, TGF- β 1, TGF- β 2 y TGF- β 3. El receptor de TGF- β está formado por dos pares de receptores Serina/Treonina quinasas, denominados receptores Tipo I y Tipo II, los cuales tienen diferentes subtipos que se combinan de distintas formas en función del miembro de la superfamilia del TGF- β al que se unan. En humanos existen siete receptores Tipo I, siendo el denominado TGFBR1 (también conocido como ALK5 o T β RI) el que une específicamente a TGF- β ; mientras que hay cinco receptores Tipo II, siendo que TGFBR2 el que, junto con el TGFBR1, forma el receptor de TGF- β .

En la *ruta canónica* o *dependiente de Smads* (Figura 3), cuando el TGF- β se une al receptor Tipo II, forma un complejo con el receptor Tipo I. Debido a la proximidad a la que se encuentran, el receptor Tipo II fosforila al receptor Tipo I en su región citoplasmática, adquiriendo su forma activada y fosforilando a su vez el complejo Smad2/3 (Si se hubiera unido BMP al receptor, se habría fosforilado Smad1, 5, 8 e iniciado una cascada de señalización distinta). De forma genérica, a este grupo de proteínas Smad activadas por el receptor se les denomina *Receptor-regulated Smad (R-Smad)*. Una vez fosforilado Smad2/3, se une a Smad4 (*Common-mediator Smad; Co-Smad*), permitiendo la acumulación de este nuevo complejo proteico en el núcleo celular, donde se

le unen diversos factores de transcripción y cofactores, regulando de esta forma la expresión de diversos genes. Entre ellos, estaría la inducción de los factores de transcripción Snail1 y Snail2 (también conocido como Slug), los cuales reprimen la expresión del gen *CDH1* que es el encargado de expresar la proteína E-CDH, induciéndose en consecuencia una MMT¹⁵⁻¹⁸. Conviene destacar otros importantes factores de transcripción que también inducen MMT, como **ZEB1** (Zinc finger E-box binding homeobox), **ZEB2** y Twist (perteneciente a la familia de proteínas hélice-bucle-hélice básico o basic helix-loop-helix, **bHLH**)¹⁹.

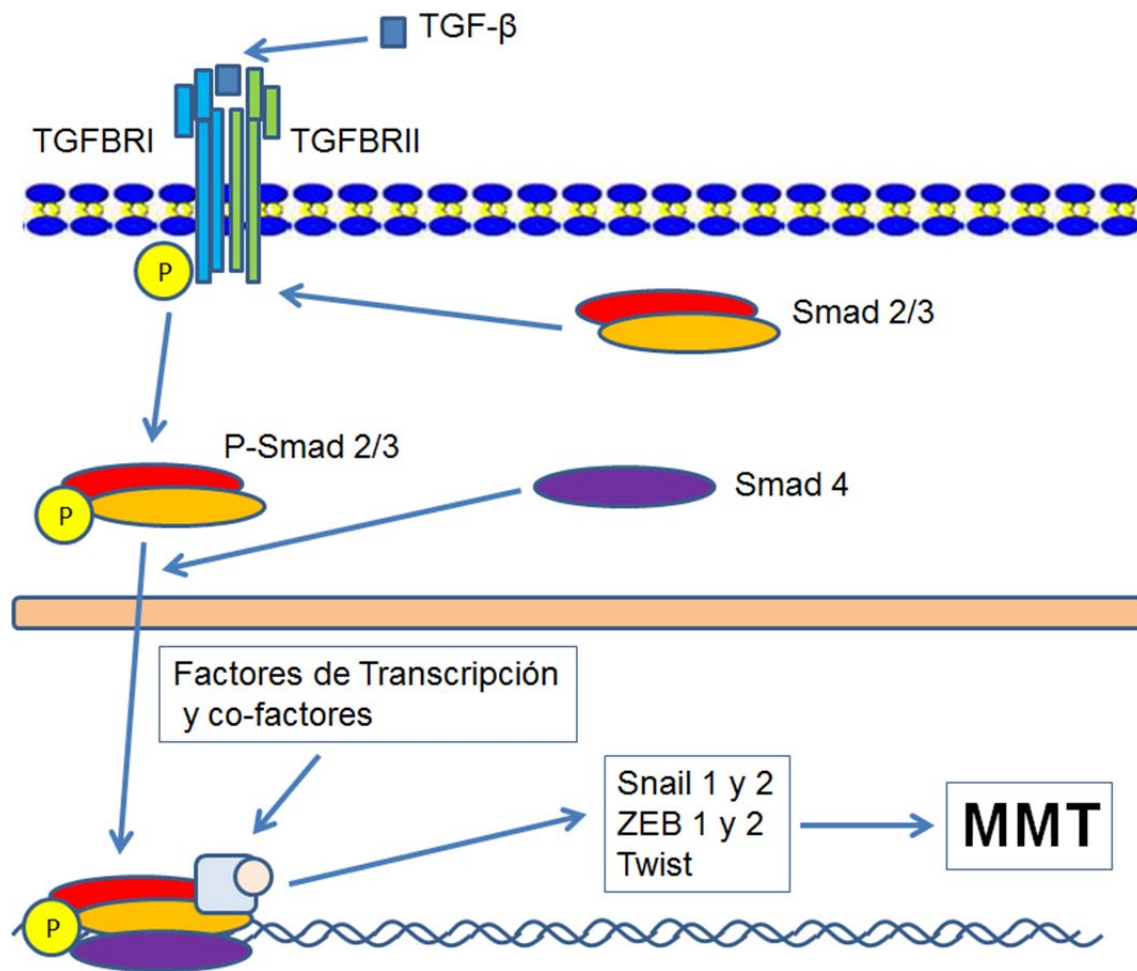


Figura 3: Ruta de señalización del TGF-β canónica o dependiente de Smads.

Por otra parte, aunque la ruta de los Smads es la principal forma de señalización del TGF- β , dicha molécula también puede actuar mediante otras vías, denominadas en conjunto como *no canónicas* o *independientes de Smads* (Figura 4).

Una de estas rutas es mediante la proteína Factor 6 asociado a receptor de factor de necrosis tumoral (Tumour necrosis factor receptor-associated factor 6, **TRAF6**) que interactúa con secuencias consenso en TGFBR1, uniéndose así al receptor y produciendo la activación de la proteína quinasa activada por TGF- β (TGF- β -activated kinase; **TAK1**). A TAK1 se le unen las proteínas de unión asociadas a TAK (TAK-associated binding protein; **TAB**) 1, 2 y 3, y mediante las quinasas intermedias **MKK3/MKK6**, TAK1 produce la activación de proteínas tales como la MAP quinasa (MAP Kinase; **MAPK**) **p38**, la quinasa Jun amino terminal (Jun amino-terminal kinase; **JNK**) y el inhibidor de la quinasa κ B (inhibitor of κ B kinase; **IKK**). TAK1 también puede actuar a través de la ruta del Factor nuclear potenciador de las cadenas ligeras kappa de las células B activadas (Nuclear factor kappa-light-chain-enhancer of activated B cells; **NF- κ B**), que acaba activando la síntesis de Snail; o mediante las quinasas reguladas por señales extracelulares (extracellular-signal-regulated kinases; **ERK**) 1 y 2, que a su vez también actúan sobre la ruta del NF- κ B y Snail.

Puede darse el caso de que el receptor tipo II fosforile directamente a la proteína reguladora de la polaridad celular **PAR6** (Partitioning defective 6), la cual a su vez, recluta a la proteína **SMURF1** (perteneciente a las ubiquitín-proteín ligasas E3), formándose así un complejo que produce la poliubiquitinización y consecuente degradación en el proteosoma de la GTPasa **RhoA**, lo que produce una desestabilización de las uniones estrechas.

Otra forma de actuación del TGF- β es mediante la activación de la Fosoinositol 3 quinasa (**PI3K**) a través de la diana de mamífero a rapamicina (mammalian target of rapamycin; **mTOR**) y **Akt**, bloqueando la actividad de la glucógeno sintasa quinasa 3 β (glycogen synthase kinase 3 β , **GSK-3 β**)¹⁵⁻²² que juega un importante labor en la regulación de Snail, pues mediante poliubiquitinización, lo marca para la posterior degradación vía proteosoma.

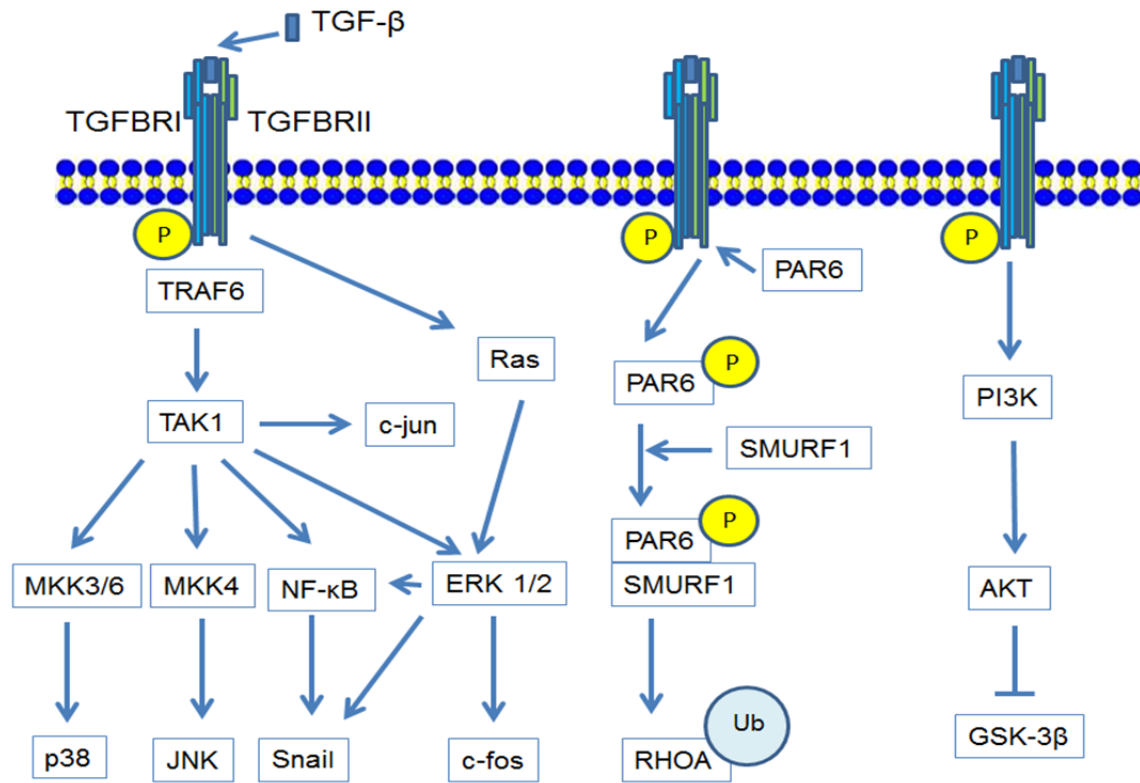


Figura 4: Rutas de señalización del TGF-β no canónicas o independientes de Smads.

1.3.PROCESOS BIOLÓGICOS EN LOS QUE INTERVIENE LA TRANSICIÓN MESENQUIMAL

La transición mesenquimal, en sus distintas formas (EMT, MMT, EndMT), interviene en muchos y variados procesos del organismo, tanto en condiciones fisiológicas como patológicas.

1.3.1. PROCESOS FISIOLÓGICOS

La transición mesenquimal, en concreto la EMT, juega un papel fundamental en el desarrollo del organismo, especialmente durante la *gastrulación*, en la formación de el ectodermo, el mesodermo y el endodermo a través de la invaginación del epitelio o de la migración de células epiteliales que

han sufrido EMT e invaden el territorio del sub-epiblasto. Para terminar este proceso, es necesario una reversión del fenotipo migratorio-invasivo a través de la MET, para la formación de una nueva estructura. Dado que este proceso de transición está presente en el desarrollo embrionario de invertebrados y vertebrados, se considera que la EMT es un proceso altamente conservado a nivel evolutivo²³⁻²⁵.

Durante la formación de la *cresta neural* la EMT también juega un papel principal. Las células se originan en el pliegue o tubo neural, siguiendo el eje rostrocaudal del organismo. Dichas células, a través de la EMT, adquieren capacidad de migración, dando origen a distintos derivados, como las estructuras craneofaciales, parte del sistema nervioso periférico, algunas células endocrinas y melanocitos^{24,25}.

En la morfogénesis del corazón se presentan varios ciclos de EMT y MET. El primero de ellos consiste en que células cardíacas, después de sufrir un proceso de EMT, migran y a través del fenómeno de la MET forman un par de epitelios que configuran dos territorios cardiogénicos. Otro ciclo sería el involucrado en la formación del revestimiento de células endoteliales que recubren el corazón. Un tercero estaría involucrado en la formación del canal auriculoventricular a partir de células endoteliales (en este caso sería más apropiado hablar de EndMT, dado el origen endotelial de las células que realizan la transición). Un último ciclo se produciría cuando células mesenquimales que habían sufrido previamente EMT, forman el epicardio al revertir el fenotipo migratorio gracias a la MET. Un grupo de estas células epicárdicas se separarían del resto, dando origen a células mesenquimales que invadirían el sub-epicardio y formarían el músculo liso coronario, células endoteliales y fibroblastos cardíacos^{24,25}.

Así mismo, también encontramos procesos de EMT (u otros tipos de transición mesotelial) en situaciones fisiológicas de respuesta a daño. Durante los procesos de cicatrización, los queratinocitos localizados en el borde del área dañada, adquieren un fenotipo que recuerda mucho al de las células mesenquimales, pues pierden las uniones intercelulares y migran como células individuales. Durante el ciclo de menstruación, el epitelio ovárico sufre un

proceso parecido a una EMT durante la cicatrización post-ovulación. Incluso encontramos estos procesos en la regeneración cardíaca del pez cebra²⁴.

1.3.2. PROCESOS PATOLÓGICOS

La transición mesenquimal está implicada en diversos procesos patológicos, como pueden ser la fibrosis y la metástasis tumoral. Esta transición es muy similar a la que se encuentra en los procesos fisiológicos, siendo las moléculas y rutas de señalización muy similares en ambos casos²⁴.

Cuando se produce un daño en un tejido, ya sea por un origen mecánico, mediante un agente irritante o infeccioso, se dispara una *respuesta inflamatoria aguda* con el objetivo de eliminar el agente causante de la alteración y el tejido dañado. Pero, si este proceso inflamatorio no se resuelve correctamente, puede producirse una *respuesta inflamatoria crónica* que conduce a la *fibrosis* o a una acumulación excesiva de proteínas constituyentes de ECM, como por ejemplo, distintos tipos de colágenos, proteoglicanos, heparán-sulfato o laminina²⁶. Todo esto conlleva una alteración de la estructura del tejido y la pérdida de la función del órgano afectado.

En todo este proceso están estrechamente implicados los *fibroblastos*, que son las principales células productoras de matriz extracelular y los cuales pueden tener diversos orígenes. Aparte de los fibroblastos residentes, podemos encontrar fibroblastos procedentes de los *fibrocitos*, que son células que se originan en la médula ósea^{27,28}, o derivados de células epiteliales gracias a la EMT²⁴, o de células endoteliales mediante la EndMT²⁹. Por mencionar unos ejemplos, se ha descrito la participación de la EMT en fibrosis de hígado y pulmón^{30,31}, la EndMT en la fibrosis cardíaca y renal^{32,33}, y la MMT en la fibrosis peritoneal³⁴.

Otros procesos patológicos en los que interviene la transición mesenquimal en sus distintas formas, son los relacionados con el *cáncer* y la *metástasis tumoral*. Una vez formado el tumor primario, algunas de las células

que lo componen, gracias a la EMT se liberan de la masa tumoral y adquieren propiedades invasivas, degradan la membrana basal y gracias a proteasas que facilitan la invasión, remodelan la ECM. Así, las células tumorales pueden invadir el tejido, ya sea como células individuales o colectivamente formando pequeños agregados. Una vez que las células tumorales han invadido los tejidos que las rodean, penetran en los vasos sanguíneos o linfáticos, viajando en el torrente circulatorio³⁵. Posteriormente las células tumorales se extravasan en nuevas localizaciones produciendo micro-metástasis, y mediante la MET, proliferan formando el tumor secundario³⁶, produciéndose una remodelación de la ECM y la formación de nuevos vasos sanguíneos.

Pero la transición mesenquimal no sólo participa en los procesos de metástasis, sino que también está implicada en eventos de gran importancia para la progresión tumoral.

Se ha visto que la EMT favorece la supervivencia de las células e inhibe la apoptosis²⁴, así como la muerte celular inducida por la pérdida de la adhesión celular³⁵. Snail, que como se ha comentado anteriormente, es un factor de transcripción implicado en la inducción de EMT, confiere además resistencia a la muerte celular³⁷.

Los tumores que sufren un proceso de EMT adquieren resistencia a la quimioterapia convencional²⁴, como se ha visto en líneas celulares de cáncer de colon que tras la EMT, resisten al oxaliplatino³⁸, y en líneas de cáncer de ovario se ha visto que resisten los tratamientos con paclitaxel³⁹. Curiosamente, la expresión forzada del microARN (*miRNA*) miR-200c, que es un regulador negativo de la EMT, puede restaurar la sensibilidad a los tratamientos de quimioterapia⁴⁰.

En general, la EMT favorece la metástasis, pero no únicamente por el aumento de la invasión de las células tumorales, sino también mediante su actuación en múltiples mecanismos de inmunosupresión, lo que altera la respuesta frente al tumor²⁴.

Así mismo, se ha podido comprobar que mediante la EMT, las células pueden adquirir características de células madre²⁴. De esta forma, una célula

que proveniente de un tumor podría convertirse en una *célula madre tumoral* (*cancer stem cell*, **CSC**), formando una pequeña subpoblación de células con capacidad auto-regenerativa, presentando un estado de diferenciación primitivo y una tasa de replicación lenta. Las CSC se encuentran presentes en múltiples tipos de cáncer⁴¹.

1.3.3. TIPOS DE TRANSICIÓN MESENQUIMAL

En función del contexto biológico en el que esté involucrada la transición mesenquimal, concretamente la EMT, se puede clasificar en tres tipos:

Tipo I: implicada en la embriogénesis y el desarrollo de los órganos. No causa fibrosis ni induce un fenotipo invasivo que se propague por el sistema circulatorio. Las células mesenquimales que se generan tienen el potencial de formar un epitelio secundario a través del proceso de MET^{42,43}.

Tipo II: relacionada con procesos de cicatrización, regeneración de tejidos y fibrosis. El proceso comienza asociado a un evento de reparación que, normalmente, genera fibroblastos. Este tipo de EMT está asociada a inflamación y cesa cuando la inflamación se atenúa, como es el caso de la cicatrización y la regeneración. Pero en el caso de la fibrosis, la EMT continúa en respuesta a una inflamación mantenida, sostenida en el tiempo, llegando a ser un proceso de destrucción del órgano. Se puede considerar que la fibrosis es en realidad un proceso de cicatrización no resuelto debido a una inflamación persistente^{42,43}.

Tipo III: asociada a cáncer y metástasis. Las células cancerosas, tras la EMT, adquieren la capacidad de invadir y metastatizar, favoreciendo la propagación del tumor. Es importante señalar que las células pueden presentar distintos grados de EMT, algunas células pueden mantener las características epiteliales y expresar algunos marcadores mesenquimales, mientras otras pueden pasar completamente a un fenotipo mesenquimal^{42,43}.

2. MEMBRANA PERITONEAL

2.1. ESTRUCTURA DE LA MEMBRANA PERITONEAL

Las *células mesoteliales peritoneales humanas* (*human peritoneal mesothelial cells*, **HPMCs**) forman una monocapa que recubre la superficie de las cavidades serosas (pleural, pericárdica y peritoneal), así como los órganos que estas contienen^{7,44-46}. El primero en observar esta monocapa fue Bichat^{46,47} en 1827, mientras que fue Minot^{46,48} quien, en 1880, propuso el término *mesotelio*. El origen de las HPMCs es el mesodermo⁴⁶ pero expresan filamentos de citoqueratina (característico de las células epiteliales) y de vimentina (que son propios de las células originadas en el mesodermo)^{49,50}. En la superficie luminal, estas células presentan microvellosidades^{51,52}, que contribuyen atrapar agua y exudados serosos⁷, y cilios⁵³ que ayudan a regular la secreción de surfactante⁷. En condiciones fisiológicas presentan una morfología poligonal o empedrada⁴⁵, con un gran número de uniones intercelulares de diversos tipos: uniones estrechas (fundamentales para mantener la polaridad celular y que la membrana forme una barrera semipermeable), uniones adherentes y desmosomas⁶.

La *membrana peritoneal* tiene una baja capacidad regenerativa, con entre el 0,16% y 0,5% de las células en mitosis en cualquier momento. Estos porcentajes aumentan entre el 30% y 60% cuando el tejido ha sufrido algún tipo de daño^{44,46}. Dicha membrana está formada por una monocapa de células mesoteliales, que descansan sobre una lámina basal, debajo de la cual se encuentra el *submesotelio*, el cual está formado por tejido conectivo, fibroblastos, mastocitos, macrófagos y vasos sanguíneos^{14,54}, junto con capas musculares. La membrana peritoneal o *peritoneo* se puede dividir en dos regiones, la parte que recubre los órganos viscerales (*peritoneo visceral*) y la que recubre la pared de la cavidad peritoneal (*peritoneo parietal*)⁴⁴. La mayoría de los órganos abdominales están adheridos a la pared abdominal a través del

mesenterio, una parte del peritoneo que provee de vasos sanguíneos, linfáticos y nervios a los órganos⁵⁵.

2.2. FUNCIONES DE LA MEMBRANA PERITONEAL

Fue Robinson^{54,55} el primero en definir las funciones biológicas del peritoneo a partir de lo que se conocía en aquel momento. Juega un papel de *barrera protectora* y *superficie no adhesiva*, protegiendo frente al daño físico o la invasión de patógenos. Las células mesoteliales están estrechamente unidas entre sí y secretan glicosaminoglicanos, formando una matriz protectora⁴⁶.

La membrana peritoneal participa en la *presentación de antígenos* y la activación de células T en los primeros pasos de la respuesta inmune específica⁴⁶. En presencia de un antígeno, las HPMCs inducen la proliferación de células T helper CD4⁺ al ser estimuladas por interferón- γ (**IFN- γ**). Contribuye a la *adhesión* y *crecimiento* de células tumorales⁴⁶, sobre todo los mesotelios que han sufrido algún tipo de daño⁵⁶. Se ha visto su participación en el *transporte de fluidos y células*⁴⁶ de las cavidades serosas a través de vesículas, uniones intracelulares o *estomas* (cavidades que quedan entre las uniones celulares, de entre 3 y 12 μm de diámetro)⁵⁷.

Juega un papel en la *iniciación y resolución de la inflamación* y en la *reparación tisular*⁴⁶. Las células mesoteliales secretan diversos mediadores, tales como productos de la cascada de coagulación, quimioquinas, citoquinas, factores de crecimiento, prostaglandinas, prostaciclina, especies reactivas de oxígeno (**ROS**) y de nitrógeno, enzimas antioxidantes y proteínas de la ECM⁶. Precisamente estas quimioquinas liberadas al medio favorecen la migración de neutrófilos y monocitos, permitiendo la afluencia masiva de leucocitos⁵⁸. Todo esto está facilitado por la expresión de moléculas de adhesión e integrinas, tales como el antígeno 1 asociado a función de linfocito (lymphocyte function-associated antigen-1; **LFA-1**) y la molécula de adhesión intercelular-1 (intercellular adhesion molecule-1; **ICAM-1**), expresadas en leucocitos y en células mesoteliales, respectivamente⁵⁹.

Las células mesoteliales también son importantes en los procesos de *coagulación y fibrinólisis*⁴⁶. Esta actividad fibrinolítica es fundamental en el control de los depósitos de fibrina pues en el caso de una acumulación excesiva pueden provocar daño mecánico o infecciones, pudiéndose formar adhesiones fibrosas entre distintas partes de la membrana serosa⁶⁰. Estas adhesiones pueden restringir los movimientos abdominales, presentándose entre el 70% y el 80% de las cirugías de obstrucción intestinal, en el 20% de los casos de infertilidad femenina y en la producción de dolores intestinales⁶¹. Los inhibidores del activador de plasminógeno (plasminogen activator inhibitors) **PAI-1** y **PAI-2** fomentan los depósitos de fibrina, mientras que el activador tisular del plasminógeno (tissue plasminogen activator; **tPA**) y el activador del plasminógeno uroquinasa (urokinase plasminogen activator; **uPA**) median en la actividad fibrinolítica. En cambio, su participación en la coagulación es gracias al factor tisular, que es el principal iniciador celular de la cascada de coagulación⁶⁰.

3. DIÁLISIS PERITONEAL

3.1. DIÁLISIS PERITONEAL COMO TRATAMIENTO

Fue Piorry⁶² en 1840 quien utilizó por primera vez el término *uremia* para referirse al conjunto de síntomas que se producen a nivel sistémico por la acumulación en sangre de productos tóxicos que no son eliminados por causa de un fallo o insuficiencia renal. Dicho fallo se produce cuando la función de los riñones disminuye a menos del 10-15%, siendo necesario algún tipo de terapia sustitutiva, como el trasplante renal, la hemodiálisis o la diálisis peritoneal, para que el paciente continúe con vida.

La *diálisis peritoneal* es un tratamiento alternativo y equivalente a la hemodiálisis^{63,64}, en el que mediante la implantación de un catéter en el abdomen del paciente, se introduce en la cavidad peritoneal una solución

dializante hiperosmótica y gracias a que la membrana peritoneal actúa como una membrana semipermeable, se establece un gradiente que permite el intercambio de agua y productos tóxicos mediante el proceso conocido como *ultrafiltración* (Figura 5). La diálisis peritoneal puede realizarse de forma ambulatoria o en cualquier parte, como por ejemplo, el hogar o el lugar de trabajo. Los únicos requisitos son disponer de un área limpia de trabajo, una forma de elevar la bolsa de líquido de diálisis y una manera de calentar el contenido. Sin embargo, se ha visto que este tratamiento puede producir alteraciones en la membrana peritoneal.

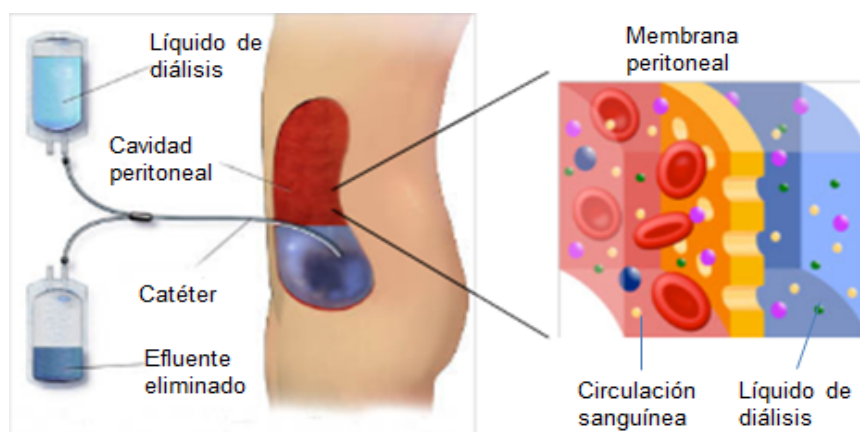


Figura 5: Esquema de la diálisis peritoneal

Los pacientes sometidos a diálisis peritoneal están expuestos a alojar en su cavidad peritoneal entre 2200 y 7000 litros de líquido de diálisis en un año, pudiendo llegar a estar varios años sometidos a este tratamiento⁶⁵. Precisamente, en los pacientes que llevan largo tiempo tratados con ésta técnica, se ha podido comprobar gracias a biopsias peritoneales, una pérdida parcial de la monocapa de células mesoteliales⁶⁶, MMT⁶⁷, fibrosis⁶⁸, angiogénesis⁶⁹ y vasodilatación⁷⁰ (Figura 6). En conjunto, estos fenómenos provocan un aumento en la superficie efectiva de transporte de la membrana peritoneal, produciéndose en consecuencia una disminución del gradiente generado por el agente osmótico debido a un mayor aumento en su absorción. El final de este proceso se conoce como *fracaso en la capacidad de*

ultrafiltración⁷¹ o *fallo de membrana tipo I* (*ultrafiltration failure, UFF*). El UFF puede determinarse mediante el *test de equilibrio peritoneal* (*peritoneal equilibration test, PET*), que consiste en medir la glucosa que se absorbe desde la solución de diálisis y la creatinina que pasa a dicha solución en un intercambio de cuatro horas. Si la transferencia de creatinina se produce de forma rápida, los pacientes son denominados *altos transportadores* y presentan una mayor dificultad para eliminar el exceso de agua del organismo.

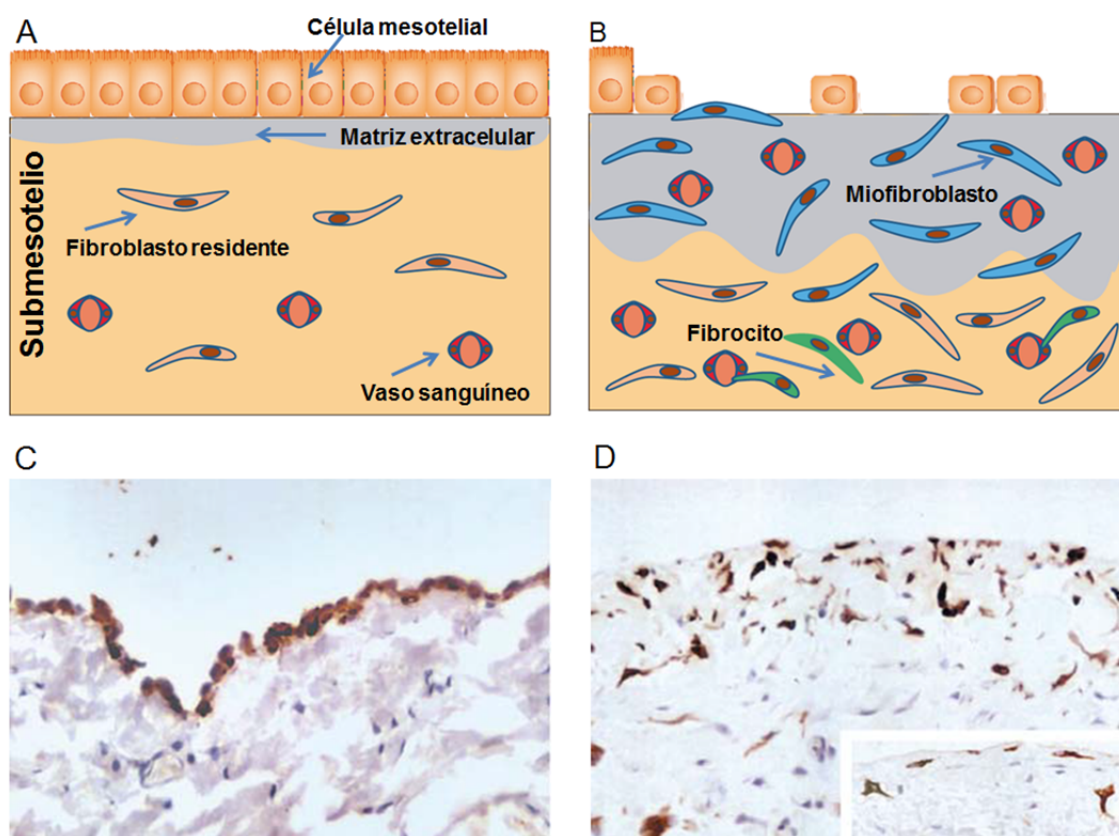


Figura 6: A: Esquema de una membrana peritoneal sana, B: Esquema de una membrana peritoneal dañada. C: Inmunohistoquímica (x150) con anticuerpo anti-citoqueratina de membrana sana (paciente no sometido a diálisis peritoneal) y D: membrana dañada (paciente con 8 meses en diálisis peritoneal, inserto con 34 meses en tratamiento)

3.2.ALTERACIONES ASOCIADAS CON LA DIÁLISIS PERITONEAL

En multitud de trabajos se muestra que los líquidos utilizados en la diálisis peritoneal pueden producir diversas modificaciones en la estructura del peritoneo, pudiendo llegar el caso de ser necesaria la retirada de esta forma de tratamiento y sustituirla por una terapia más convencional.

Una de estas anomalías es la inflamación del peritoneo debido a la bioincompatibilidad de los líquidos de diálisis, causada fundamentalmente por su composición (Tabla 2). Uno de los agentes que más contribuye es precisamente la *glucosa*, que es la molécula usada como agente osmótico, la cual debe estar a una concentración entre 15 y 40 veces la fisiológica para poder formar el gradiente necesario para la diálisis⁶⁵.

Es más, al exponer a las HPMCs a glucosa se favorecen los procesos de oncosis (o muerte celular isquémica) y apoptosis⁷², aumentando el número de células que se desprenden de la membrana peritoneal. La respuesta a la inflamación crónica implica a las HPMCs y macrófagos residentes que reclutan células inflamatorias (fagocitos mononucleares, linfocitos, neutrófilos)⁷³, las cuales secretan gran cantidad de citoquinas, factores de crecimiento y quimioquinas que contribuyen a la inflamación^{58,74,75}.

El líquido de diálisis debe ser estéril para su uso, lo cual se consigue sometándolo a un tratamiento de esterilización por calor. Un inconveniente de este proceso es la generación de productos de degradación de la glucosa (glucose degradation products; **GDPs**) que son capaces de inducir procesos inflamatorios o apoptóticos, produciéndose un aumento de IL-6 e IL-8⁷⁶, del factor de crecimiento endotelial vascular (vascular endothelial growth factor; **VEGF**)^{77,78} o la molécula de adhesión vascular-1 (vascular cell adhesion molecule-1; **VCAM-1**)^{75,76}. Los GDPs favorecen la formación de los productos de Amadori y de productos de glicosilación avanzada (advanced glycosylation end-products; **AGEs**)⁷⁹.

	Solución	Bolsa	Agente Osmótico	Tampón (mmol/L)	Calcio (mmol/L)	GDP	pH
BAXTER	Dianeal PD1	Simple	Glucosa 1,36-2,27-3,86%	Lactato 35	1,75	Alto	5,2
	Dianeal PD4	Simple	Glucosa 1,36-2,27-3,86%	Lactato 40	1,25	Alto	5,2
	Extraneal	Simple	Icodextrina 7,5%	Lactato 40	1,75	No	5,6
	Nutrineal	Simple	Aminoácidos 1,1%	Lactato 40	1,25	No	5,5
	Physioneal 35	Doble	Glucosa 1,36-2,27-3,86%	Lactato 10 + Bicarbonato 25	1,75	Bajo	7,4
	Physioneal 40	Doble	Glucosa 1,36-2,27-3,86%	Lactato 15 + Bicarbonato 25	1,25	Bajo	7,4
FRESENIUS	Stay Safe 2-3-4	Simple	Glucosa 1,5-2,3-4,25%	Lactato 35	1,75	Alto	5,5
	Stay Safe 17-18-19	Simple	Glucosa 1,5-2,3-4,25%	Lactato 35	1,25	Alto	5,5
	Balance 2-3-4	Doble	Glucosa 1,5-2,3-4,25%	Lactato 35	1,75	Bajo	7-7,4
	Balance 17-18-19	Doble	Glucosa 1,5-2,3-4,25%	Lactato 35	1,25	Bajo	7-7,4
	BicaVera 2-3-4	Doble	Glucosa 1,5-2,3-4,25%	Bicarbonato 34	1,75	Bajo	7,4
GAMBRO	Gambrosol Trio 10 A-B-A+B	Triple	Glucosa 1,5-2,5-3,9%	Lactato 35	1,70-1,75-1,79	Bajo	5,5-6,5
	Gambrosol Trio 40 A-B-A+B	Triple	Glucosa 1,5-2,5-3,9%	Lactato 30-40-41	1,31-1,35-1,38	Bajo	5,5-6,5

Tabla 2: Composición de los principales líquidos empleados en diálisis peritoneal

Los AGEs se originan por la modificación postraduccional (*glicosilación*) de las proteínas debido a la acción de azúcares reductores. Centrándonos en un caso en concreto, las fibras de colágeno glucosiladas presentan una mayor

resistencia y una menor solubilidad que las fibras normales de colágeno, lo que a su vez podría causar una acumulación de ECM en la zona submesotelial⁶⁶. Se ha elaborado la hipótesis que los AGEs pueden ser los causantes de un aumento en el número de linfocitos T CD8⁺ o linfocitos T citotóxicos, los cuales identificarían como antígenos extraños a las proteínas de membrana que hubieran sido glicosiladas⁸⁰.

Los efectos de los AGEs están mediados por los receptores de AGEs (receptor for AGE; **RAGE**) presentes en HPMC, células endoteliales, fibroblastos y macrófagos⁸¹⁻⁸³. Al unirse los AGEs a estos receptores se desencadena una respuesta inflamatoria^{82,84} y son mediadores en la MMT⁸⁵. Se induce un gran número de rutas de señalización celular, como es el caso de las MAPK⁸⁶ de la que dependen la activación de integrinas⁸⁷; o también el caso del NF-κB⁸¹ el cual es fundamental en procesos de respuesta inmune crónica y en patologías inflamatorias⁸⁸ pues su inhibición previene la proliferación de células vasculares, la inflamación y la apoptosis⁸⁸⁻⁹⁰.

Así mismo, los AGEs pueden inducir la expresión de la ciclooxigenasa 2 (cyclooxygenase-2; **COX-2**) en monocitos humanos de sangre periférica⁹¹. Los niveles de COX-2 también son aumentados por las HMPCs que han sufrido el proceso de la MMT⁹², estando la COX-2 implicada en procesos de remodelación tisular y procesos fibróticos⁹³.

En un intento de evitar la degradación de los azúcares utilizados como agentes osmóticos, los líquidos de diálisis suelen presentar generalmente pH bajos (Tabla 2). Sin embargo, se ha postulado que estos pH no fisiológicos pueden provocar daño e irritación del peritoneo, aunque existen trabajos que argumentan lo contrario^{94,95}.

Por todo lo mencionado anteriormente, se comprueba que los propios líquidos de diálisis, debido a su composición, tienen la capacidad de inducir daño en el peritoneo⁹⁶. Actualmente se intenta desarrollar líquidos más biocompatibles que no presenten estos problemas.

Pero no son únicamente los líquidos de diálisis los causantes de alteraciones en el peritoneo. Éstas también pueden ser causadas por *peritonitis*

agudas, ya sean causadas por agentes infecciosos o hemoperitoneos. En esta situación, células del sistema inmune son atraídas al peritoneo a causa de la infección. Los primeros en llegar son los *polimorfonucleares* (*polymorphonuclear*; **PMNs**)⁹⁷, que contribuyen al daño de la membrana peritoneal por los procesos enzimáticos que desarrollan. Después se incorporan los linfocitos T y los macrófagos, eliminando los restos celulares⁹⁸. En los pacientes sometidos a *diálisis peritoneal ambulatoria continuada* (*continuous ambulatory peritoneal dialysis*; **CAPD**) que además sufren peritonitis se ha comprobado que durante esos episodios predomina una respuesta Th1, con un rápido aumento del factor de necrosis tumoral- α (tumor necrosis factor- α ; **TNF- α**), IL-1 β , IL-12, IL-18 e INF- γ ^{99,100} y en modelos murinos parece que está implicada en la formación de adherencias post-quirúrgicas¹⁰¹.

3.3. MMT Y DIÁLISIS PERITONEAL

Inicialmente se creía que las células mesoteliales de la membrana peritoneal no participaban en los cambios sufridos en el peritoneo durante la diálisis peritoneal⁷¹. Este concepto cambió cuando el equipo del Dr. López-Cabrera y colaboradores, y de forma independiente por Yang¹⁰², demostraron que las células mesoteliales, durante la diálisis peritoneal, sufrían un proceso de MMT³⁴, formando así parte activa del proceso. Se pudo comprobar, a través de HPMCs de pacientes en diálisis peritoneal y aisladas a partir de los efluentes peritoneales, cómo estas células efectivamente habían sufrido MMT observando los marcadores clásicos (por ejemplo, represión de E-cadherina, inducción de Fibronectina y Snail, entre otros)³⁴. También se ha podido observar en biopsias de pacientes, mediante inmunohistoquímica, la presencia de células con fenotipo mesenquimal o fibroblastoide localizadas en el submesotelio y que a la vez expresan marcadores típicos mesoteliales¹⁰³, y también existe una correlación entre la expresión de marcadores mesoteliales con el grado de fibrosis y el transporte de solutos¹⁰⁴. Esto lleva a concluir que estas células fibroblastoides se han originado a partir de la monocapa mesotelial mediante un proceso de MMT.

Las células que han sufrido MMT producen grandes cantidades de VEGF, lo que contribuye a un aumento de la angiogénesis en el peritoneo^{105,106}. Estas células también intervienen en la pérdida de la monocapa mesotelial, pues algunas morirán por la bioincompatibilidad de los líquidos de diálisis, otras se descamarán de la membrana, pasando al líquido de diálisis y siendo eliminadas con este, y otro grupo, tras la MMT, migrarán e invadirán el submesotelio, actuando de las diversas formas expuestas anteriormente.

OBJETIVOS

Con el propósito de encontrar nuevos biomarcadores de diagnóstico de la MMT y del estado de la membrana en diálisis peritoneal, para así mejorar la capacidad de esta modalidad de tratamiento, se propusieron los siguientes objetivos de trabajo:

1. Determinación de huellas génicas de la MMT mediante microarrays en células mesoteliales obtenidas de pacientes en diálisis peritoneal y en células mesoteliales obtenidas de omentos y transdiferenciadas *in vitro*. Comparación de dichas huellas génicas.
2. Validación de una serie de posibles marcadores seleccionados a partir de los estudios realizados en microarrays mediante qPCR y determinación de la proteína en sobrenadantes de cultivos celulares y efluentes de pacientes en diálisis peritoneal.
3. Estudio de los marcadores seleccionados, tanto a nivel de ARNm como de proteína, en muestras de pacientes en diálisis peritoneal y su comparación con los datos clínicos.

MATERIAL Y MÉTODOS

1. OBTENCIÓN, AISLAMIENTO Y CULTIVO DE CÉLULAS MESOTELIALES PERITONEALES HUMANAS

Para realizar los estudios “*ex vivo*” las células mesoteliales se obtuvieron a partir de efluentes de bolsas de pacientes sometidos a diálisis peritoneal y de omentos de pacientes que se habían sometido a cirugía por causas distintas a fallo renal. La realización del estudio se realizó de acuerdo a la Declaración de Helsinki y fue aprobado por el comité ético del Hospital Universitario de La Princesa (Madrid, España). Las muestras se obtuvieron previo consentimiento informado escrito de los pacientes.

Para aislar las células mesoteliales a partir de los efluentes peritoneales, cada bolsa se dejó decantar durante 3 horas a 4°C. Posteriormente, en campana de flujo laminar y bajo condiciones estériles, se retiró el líquido sobrante, dejando aproximadamente 300 ml en la bolsa, los cuales se repartieron en 6 Falcons de 50 ml y se centrifugaron a 1500 rpm durante 5 minutos. Se eliminó el sobrenadante y el pellet de los 6 Falcons se resuspendió en un volumen total de 5 ml de medio M-199 (Biological Industries; Kibbutz Beit Haemek, Israel) suplementado con Penicilina 50 U/ml, Estreptomicina 50 µg/ml (PPA Laboratories GmbH; Pasching, Austria), 2% de Hepes 1M 0,85 NaCl (LONZA; Basel, Switzerland), 20% de suero bovino fetal (**FBS**; Thermo Scientific; Cramlington, UK), 2% de Biogro-2 (el cual contiene insulina, transferrina, etanolamina y putrescina; Biological Industries), Ciprofloxacino 1/200 y Fungizona 1/2000. Las células así obtenidas se plaquearon en frascos de cultivo T25 (Becton Dickinson; Franklin Lakes, New Jersey, USA), y se dejaron incubar hasta alcanzar la confluencia a 37°C en atmósfera húmeda y con un 5% de CO₂.

Los omentos se procesaron en campana de flujo laminar en condiciones estériles. De los trozos mandados desde quirófano se hicieron piezas más pequeñas, de 2 o 3 cm² de superficie. Se limpiaron los restos de sangre, vasos sanguíneos, adherencias y puntos de sutura en PBS 1X. Las distintas piezas se repartieron en Falcons de 50 ml y se añadió Tripsina-EDTA (Sigma-Aldrich, St. Louis, Missouri, USA) hasta un volumen máximo de 15 ml, se dejó incubar

en baño a 37°C durante 20 minutos, en agitación. Al finalizar este periodo, se centrifugó a 1200 rpm, 8 minutos y 4°C, se desechó el sobrenadante compuesto por la Tripsina-EDTA y las piezas de omento, y se obtuvo el pellet formado por las células mesoteliales. Los pellet se resuspendieron en un volumen entre 5 y 10 ml de buffer de lisis de eritrocitos (Qiagen; Germantown, Maryland, USA), se recogieron en un único tubo y se mantuvieron 10 minutos en hielo, centrifugándose a continuación a 1200 rpm, 5 minutos, a 4°C. Se realizaron entre uno y dos lavados con 5 ml de PBS 1X y se centrifugó en cada ocasión a 1200 rpm, 5 minutos, a 4°C, descartándose el sobrenadante. Finalmente, el pellet se resuspendió en 5 ml de medio M-199 suplementado con 20% de FBS, Penicilina 50 U/ml, Estreptomicina 50 µg/ml, 2% de Hepes 1M 0,85 NaCl, 2% de Biogro-2, Ciprofloxacino 1/200 y Fungizona 1/2000. Las células así obtenidas se plaquearon en flaks T25 de alta adherencia (CORNING; Corning, New York, USA), y se dejaron incubar a 37°C en atmósfera húmeda y con un 5% de CO₂ hasta alcanzar la confluencia.

Para realizar los estudios “*in vitro*” se obtuvieron y cultivaron células de omento de forma análoga a la indicada anteriormente, excepto que a la mitad de las células procedentes de un mismo omento se les añadió 0,5 ng/ml de TGF-β1 (R&D Systems; Minneapolis, Minnesota, USA) y 2 ng/ml de IL-1β (R&D Systems), en M-199 suplementado con 2% FBS, durante 72 horas, para inducir la MMT de las células mesoteliales, mientras que a la otra mitad no.

2. PURIFICACIÓN DE CÉLULAS, LISIS, PRECIPITACIÓN Y CUANTIFICACIÓN DE ARNm

Para comprobar que los cultivos de células mesoteliales no estaban contaminados con poblaciones de macrófagos, las células se levantaron con Tripsina-EDTA, se marcaron con bolas magnéticas conjugadas con CD45 (CD45 MicroBeads; Miltenyi Biotec GmbH, Friedrich-Ebert-Str. 68, 51429 Bergisch Gladbach, Germany) y fueron pasadas a través de columnas magnéticas (MS Columns; Miltenyi Biotec GmbH), según los protocolos

suministrados por el fabricante. Se comprobó la pureza de los cultivos mediante un citometro de flujo FACS Canto II (BD Bioscience, Franklin Lake, New Jersey, USA).

Para extraer el ARN, las células se levantaron con Tripsina-EDTA y se precipitaron mediante centrifugación a 1500 rpm, 5 minutos, a temperatura ambiente. Se descartó el sobrenadante y se lisó el pellet celular mediante pipeteo repetido usando 1 ml de TRI-Reagent (Ambion; Carlsbad, California, USA) por cada $5-10 \times 10^6$ células o por cada 10 cm^2 de superficie del pocillo de cultivo, siguiendo las especificaciones del fabricante. Los lisados se pasaron a eppendorfs libre de RNasas y se mantuvieron en hielo durante 5 minutos. A los lisados celulares se les añadió 200 μl de Cloroformo (Merck; Darmstadt, Germany) por cada 1 ml de TRI-Reagent usado en la fase de lisado. Se mezcló mediante vórtex y se dejó a temperatura ambiente 10 minutos. A continuación, para extraer el ARNm, se centrifugó a 13000 rpm, 15 minutos y a 4°C . Se obtuvieron dos fases claramente diferenciables: una fase superior, acuosa y transparente, donde se encontraba el ARNm; y una fase inferior, orgánica y coloreada, que contenía el ADN y las proteínas. Se procedió a recoger la fase acuosa y se depositó en nuevos eppendorfs previamente preparados, libre de RNasas, a los que se les añadió 500 μl de 2-Propanol (Merck; Darmstadt, Germany) por cada 1 ml de TRI-Reagent empleado, mezclándose mediante agitación con vórtex y se dejó reposar 10 minutos a temperatura ambiente. Se realizó otra centrifugación a 13000 rpm, 15 minutos, a 4°C , obteniéndose el ARNm en forma de pellet blanquecino. Se eliminó el sobrenadante mediante volcado de los tubos y al pellet se le añadió 1ml de Etanol, frio, al 75% (Merck; Darmstadt, Germany) por cada 1 ml de TRI-Reagent utilizado, disolviéndose dicho pellet mediante agitación con vórtex. Se centrifugó a 13000 rpm, 10 minutos, a 4°C . Se descartó el sobrenadante mediante volcado y se dejó secar el pellet colocando los eppendorfs boca abajo sobre papel secante, a temperatura ambiente. Cuando el exceso de Etanol se hubo evaporado y antes de que se secara totalmente el pellet, se resuspendió el ARNm en 20 μl de agua libre de RNasas (Ambion; Carlsbad, California, USA), colocándose los eppendorfs en un Termoblock (Tembloc P Selecta; Abrera, Barcelona, Spain) a 56°C durante 10 minutos, para disolver completamente el pellet de ARNm.

Después se sometió a los eppendorfs a un pulso en una centrífuga para precipitar toda la muestra en el fondo del tubo. A continuación se procedió a la cuantificación del ARNm mediante NanoDrop 1000 Spectrophotometer (Thermo Scientific; Wilmington, Delaware, USA) y las muestras se guardaron a -80°C hasta una posterior utilización. Todo el procedimiento se realizó con guantes, eppendorfs y puntas libres de RNasas.

3. REALIZACIÓN DE LOS MICROARRAYS

Según el Índice Elíptico (ver sección 7 de Material y Métodos) que presentaban las células aisladas de los efluentes peritoneales cuando alcanzaron el estado de confluencia, se establecieron dos fenotipos: un fenotipo Epitelioide, en el cual las células presentaban un aspecto cúbico o empedrado; y un fenotipo No Epitelioide, en el que tenían una morfología alargada o fibroblastoide. Las células de omento presentaban la morfología empedrada típica de las células mesoteliales.

Los experimentos de expresión génica diferencial de las células mesoteliales se llevaron a cabo en colaboración con la empresa Pharmakine S.L. (Derio, Vizcaya, España).

3.1. ESTUDIOS “*ex vivo*”

Inicialmente, se seleccionaron 9 cultivos de células mesoteliales procedentes de efluentes peritoneales que expresaban un fenotipo Epitelioide y 9 que presentaban un fenotipo No Epitelioide. Se escogieron 4 cultivos de omentos y con ellos se preparó un pool que se utilizó como control.

3.1.1. VALIDACIÓN DE LAS MUESTRAS CONTROL

Usando el protocolo de lisis y extracción anteriormente expuesto, se suministró a Pharmakine S.L. 10 µl por muestra de ARN procedente de los cultivos Epitelioides, No Epitelioides y de 4 omentos que se utilizarían como muestra control; junto la concentración de cada muestra, así como las absorbancias a 260 nm y 280 nm. Se procedió a analizar la calidad y la concentración de los ARNs, tanto de las muestras de los pacientes como de los controles, mediante el sistema de electroforesis capilar Bioanalyzer 2100 (Agilent Technologies; Santa Clara, California, USA). La cantidad de ARN se expresó en ng/µl, y la calidad se determinó mediante el cálculo del ratio del área bajo la curva proporcionada por los picos de los ARNs ribosomales 28S y 18S, y el número de integridad del ARN o *RIN*. Los valores de ratio cercanos a 2.0 y los valores de RIN próximos a 10 son indicativos de la buena calidad del ARN.

Con objeto de definir la muestra de referencia que se iba a utilizar en las hibridaciones, se analizó el grado de concordancia de los patrones transcripcionales de las 4 muestras procedentes de omentos. En caso de no existir grandes diferencias entre ellos, su utilización en una única muestra equimolecular formada a partir de estas muestras de omento, a la que se denominó como *Pool Control*, además de estar justificado, contribuiría a neutralizar pequeñas diferencias interindividuales sin generar resultados artefactuales.

Mediante el kit de marcaje Quick Amp Labeling Kit, two-color, (Agilent Technologies) se marcaron 400-800 ng de ARN total con los fluorocromos Cy3-CTP y Cy5-CTP en reacciones independientes. Se añadió *Spike-In* (muestra de ARN de otra especie que es capaz de hibridar con las sondas control que lleva el microarray) en cada una de las reacciones como control de calidad en los procesos de marcaje, hibridación, lavado y secado. De este modo se obtuvieron los ARN complementarios marcados (Cy3-CTP-ARNc y Cy5-CTP-ARNc), los cuales se purificaron usando el método RNeasy Mini Kit (Qiagen). Se utilizó la aplicación Microarray Measurement del equipo NanoDrop 1000

(Thermo Scientific), para determinar espectrofotométricamente tanto el rendimiento, como la actividad específica de cada fluoróforo.

Los microarrays se realizaron mediante el sistema Whole Human Genome Microarray Kit, 4x44K (Agilent Technologies), el cual incluye 41.000 sondas de 60 nucleótidos, cubriendo todos los genes descritos del genoma humano, con 4 microarrays idénticos en cada portaobjetos. Se comparó el patrón transcripcional de las muestras control 1, 3 y 4 frente al control 2, y se incluyó como control de calidad una hibridación *Dye-swap*, también denominado de marcajes cambiados o hibridación inversa (Tabla 3). En el abordaje experimental de *Dye-swap*, lo que se hace es marcar la muestra 1 con Cy3 y la muestra 2 con Cy5, y en otra hibridación se marca la muestra 1 con Cy5 y la muestra 2 con Cy3. Una ventaja del *Dye-swap* es que permite evitar la variabilidad debida al proceso de marcaje y a la producida por los propios fluorocromos.

Código	ARNc hibridados	
	Cy5	Cy3
251485043850_1	Control 1	Control 2
251485043850_2	Control 3	Control 2
251485043850_3	Control 4	Control 2
251485043850_4	Control 2	Control 4

Tabla 3: Hibridaciones de las 4 muestras control. La última hibridación corresponde al *Dye-swap* de la penúltima. Las muestras señaladas en rojo fueron marcadas con Cy5 y en verde con Cy3.

Siguiendo el protocolo suministrado por el fabricante, se utilizaron 825 ng de ARNc marcado y con una actividad específica ≥ 8 , por muestra en cada una de las hibridaciones en dos colores. Justo antes de la hibridación se incubó cada pareja de muestras marcadas, junto el agente bloqueante y el buffer de fragmentación durante 30 minutos a 60°C. Después de añadir el buffer de

hibridación, la mezcla se depositó sobre el microarray y se incubó a 65°C durante 17h en oscuridad y con agitación a 10 rpm. Completado este procedimiento, se procedió a la eliminación de los restos de fluoróforos y ARNc no hibridado mediante inmersión de los portas en diversos buffers salinos de diferentes astringencias y utilizando por último la solución de estabilización y secado indicada por Agilent Technologies.

Una vez finalizado el secado, se procedió al escaneado de los portaobjetos mediante un escáner G2505B (Agilent Technologies), en dos canales de fluorescencia y una resolución de 5 nm. El análisis de las imágenes se realizó mediante el programa Feature Extraction v9.5 (FE9.5), evaluando la calidad de la hibridaciones teniendo en consideración la presencia de artefactos, el ruido de fondo y las diferencias de intensidad a lo largo de la imagen, además de la intensidad producida por los Spike-In en los puntos control. Para cada sonda de interés, se cuantifica la intensidad de los fluoróforos Cy5 y Cy3, se normalizan los datos y se asignan valores de calidad, generando una p y Error de cada punto. Así obtenemos los datos en bruto que posteriormente se analizarían para determinar la expresión génica diferencial.

Se utilizó el programa Genespring (Agilent Technologies) para calcular y comparar el número de genes expresados diferencialmente entre las muestras Control 1, 3 y 4 respecto a Control 2. Dado que se obtuvo que en ninguna de las hibridaciones existía diferencias en la transcripción mayores al 5%, se aceptó que la variabilidad interindividual entre los 4 controles era baja y podían emplearse para la formación de un pool equimolecular que se emplearía como control en las hibridaciones de las muestras de los pacientes.

3.1.2. HIBRIDACIONES DE LAS MUESTRAS “*ex vivo*”

Se determinó la concentración y la integridad de los ARNs de todas las muestras mediante Bioanalyzer 2100 (Agilent Technologies). Se marcaron tanto con Cy3 como con Cy5, 19 muestras de ARNs: 9 de fenotipo Epitelioide, 9 de fenotipo No Epitelioide y 1 pool de omentos (usado como *control*),

siguiendo el mismo protocolo especificado en el apartado anterior. Se utilizaron 825 ng de cada ARNc marcado, con una actividad específica ≥ 8 , para las hibridaciones en dos colores siguiendo el diseño de Dye-swap (Tabla 4).

Código	ARNc hibridados	
	Cy3	Cy5
251485043851_1	HLP1	Pool Control
251485043851_2	Pool Control	HLP1
251485043851_3	HLP2	Pool Control
251485043851_4	Pool Control	HLP2
251485043852_1	HLP3	Pool Control
251485043852_2	Pool Control	HLP3
251485043852_3	HLP6	Pool Control
251485043852_4	Pool Control	HLP6
251485043853_1	HLP7	Pool Control
251485043853_2	Pool Control	HLP7
251485043853_3	HLP8	Pool Control
251485043853_4	Pool Control	HLP8
251485043854_1	HLP15	Pool Control
251485043854_2	Pool Control	HLP15
251485043854_3	HLP17	Pool Control
251485043854_4	Pool Control	HLP17
251485043855_1	HLP19	Pool Control
251485043855_2	Pool Control	HLP19
251485043855_3	HLP5	Pool Control
251485043855_4	Pool Control	HLP5
251485043856_1	HLP10	Pool Control
251485043856_2	Pool Control	HLP10
251485043856_3	HLP11	Pool Control
251485043856_4	Pool Control	HLP11
251485043857_1	HLP12	Pool Control
251485043857_2	Pool Control	HLP12

251485043857_3	HLP13	Pool Control
251485043857_4	Pool Control	HLP13
25148504388_1	HLP14	Pool Control
251485043858_2	Pool Control	HLP14
251485043858_3	HLP20	Pool Control
251485043858_4	Pool Control	HLP20
251485043859_1	HLP22	Pool Control
251485043859_2	Pool Control	HLP22
251485043859_3	HLP23	Pool Control
251485043859_4	Pool Control	HLP23

Tabla 4: Hibridaciones de las muestras obtenidas de pacientes respecto a un pool control de 4 omentos. Las muestras señaladas en rojo fueron marcadas con Cy5 y en verde con Cy3.

3.2. ESTUDIOS “*in vitro*”

Para la realización de los estudios “*in vitro*” se seleccionaron tres omentos a los cuales a la mitad de las células obtenidas se les indujo una MMT (*tratamiento*) y a la otra mitad no (*control*).

Los estudios de microarrays se realizaron mediante Whole Human Genome Microarray Kit, 4x44K (Agilent Technologies).

Los cultivos celulares de los tres omentos se mandaron a Pharmakine S.L. (Derio, Vizcaya), donde a la mitad de las células aisladas de cada uno de los omentos se les sometió a un tratamiento con 0,5 ng/ml de TGF- β 1 y 2 ng/ml de IL-1 β , durante 72 horas, para inducir una MMT. Concluido el tratamiento, las células fueron lavadas con PBS 1X y se añadieron 2 ml de TRI-Reagent (Ambion) en cada frasco de cultivo T25 (Becton Dickinson). Las células se levantaron con la ayuda de un scrapper y se lisaron mediante pipeteo.

Siguiendo el protocolo explicado anteriormente, se extrajo el ARN total mediante extracción fenólica y precipitación alcohólica. El ARN precipitado fue resuspendido en agua MilliQ (Millipore; Billerica, Massachusetts, USA),

mediándose la cantidad y la calidad del ARN extraído mediante electroforesis capilar Bioanalyzer 2100 (Agilent Technologies). Se marcaron 500 ng de ARN total con los fluorocromos Cy3 y Cy5 con Low input ARN fluorescent amplification kit (Agilent Technologies), en reacciones independientes. A la muestra inicial se le añadió como control interno Spike-In. El ARN obtenido en las reacciones de transcripción se purificó mediante el sistema en columna RNeasy mini kit (Qiagen), y se resuspendió en 30 µl de agua MilliQ. La cantidad de ARN marcado y la actividad específica de los fluorocromos fue analizada por espectrofotometría, midiendo la absorbancia a 260 nm para los ácidos nucleicos, a 552 nm para el fluorocromo Cy3, y a 650 nm para el fluorocromo Cy5.

Las hibridaciones con los microarrays se realizaron con 750 ng de cada muestra de ARN marcado (Cy3-CTP-ARNc y Cy5-CTP-ARNc). Se añadió un agente bloqueante y un buffer de fragmentación durante 30 minutos, a 60°C. Terminada la incubación, se añadió el buffer de hibridación y los microarrays se mantuvieron a 65°C, 17 horas, en agitación (10 rpm).

Las células sometidas a tratamiento fueron hibridadas junto a sus células control, realizándose réplicas de cada hibridación mediante Dye-swap (Tabla 5):

Código de Barras	ARNc hibridadas	
	Cy3	Cy5
251239151478	MMT Donante A	Control Donante A
251239151479	Control Donante A	MMT Donante A
251239151480	MMT Donante B	Control Donante B
251239151481	Control Donante B	MMT Donante B
251239151482	MMT Donante C	Control Donante C
251239148101	Control Donante C	MMT Donante C

Tabla 5: Hibridaciones de las muestras en los estudios “*in vitro*”. Las muestras señaladas en rojo fueron marcadas con Cy5 y en verde con Cy3.

Concluida la hibridación, los microarrays fueron lavados en tampones salinos y protegidos mediante la solución Scavenging and drying solution (Agilent Technologies), la cual protege de la acción dañina del ozono, y fueron escaneados mediante el escáner G2505B (Agilent Technologies). El análisis de imagen se realizó mediante el software Feature Extraction v9.5, con el que se calculó el ratio para cada punto de la imagen. Así mismo, el programa fue usado para realizar un test de calidad indicando la homogeneidad y reproducibilidad de la hibridación. Entre los parámetros evaluados encontramos:

1. La saturación en el percentil 99 para ambos fluorocromos como indicativo del rango de intensidad obtenido en cada hibridación.
2. Una baja desviación estándar del fondo (*background*) como indicativo de la ausencia de artefactos en el proceso de lavado.
3. Coeficiente de variación tanto de las muestras como del fondo (*background*) menores a un 20-30%, como medida de la reproducibilidad de la señal del array.
4. La media de señal de ruido (S/N) de los puntos control es indicativo de la uniformidad en la cantidad de genes sobre-expresados o infra-expresados diferencialmente. Un alto valor S/N (>3) representa una diferencia de expresión reproducible.

En todas las hibridaciones se demostró la homogeneidad y replicabilidad de la técnica.

4. VALIDACIÓN DE LOS MICROARRAYS MEDIANTE PCR CUANTITATIVA EN TIEMPO REAL

La validación de los resultados obtenidos por microarrays se realizó en el Parque Científico de Madrid (Campus de Moncloa), y para ello se seleccionaron 19 muestras: 7 muestras de las empleadas en los estudios de microarrays (las muestras HLP2, HLP7, HLP17 con un fenotipo Epitelioide, y las muestras , HLP5, HLP20, HLP22, HLP23 con un fenotipo No Epitelioide), 11

muestras de pacientes que no se habían usado en los estudios de microarrays (2 con fenotipo Epiteliode, las muestras HLP628 y HLP862; y 9 con fenotipo No Epiteliode, concretamente las muestras HLP607, HLP665, HLP680, HLP819, HLP829, HLP847, HLP861, HLP876 y HLP882) y el pool control de omentos.

El ARN se extrajo de acuerdo con el protocolo indicado previamente, siendo la integridad del ARN total determinada mediante un equipo Bioanalyzer 2100 (Agilent Technologies) con ARN 6000 NanoChip Kit (Agilent Technologies). La concentración fue calculada mediante un espectrofotómetro ND-1000 (Thermo Scientific).

La síntesis de ADNc se realizó mediante Transcriptor First Strand cDNA Synthesis Kit (Roche Applied Science; Penzberg, Alta Baviera, Alemania). Siguiendo las instrucciones del fabricante, se partió de 1 µg de ARN, en un volumen total de 20 µl, siendo las condiciones de incubación las siguientes: un ciclo de 10 minutos a 25°C; un ciclo de 30 minutos a 55°C; un ciclo de 5 minutos a 85°C; 4°C hasta la recogida de las muestras. A continuación se procedió al análisis de los ADNc por PCR cuantitativa en tiempo real, realizándose con el sistema LightCycler® 480 Real-Time PCR System (Roche Applied Science), en placas de 96 pocillos RealTime Ready Custom Panel (Roche Applied Science). El diseño de sondas y primers, todos ellos humanos, se llevó a cabo con el software RealTime Ready Configurator (Roche Applied Science; https://configurator.realtimeready.roche.com/assaysupply_cp/login.jsf). Cada placa contiene primer/sondas para la detección de 48 genes por duplicado. En cada placa se analizaron 45 genes identificados por microarrays, seleccionándose tanto genes sobre-expresados como infra-expresados, junto con tres genes de referencia (también llamados *Housekeeping*). Junto a estos genes, en cada placa se añadieron los duplicados correspondientes. Los genes seleccionados para la validación se muestran a continuación (Tabla 6):

Símbolo del Gen	Nombre del Gen
<i>IL1B</i>	Interleukina 1 β
<i>KRT34</i>	Keratina 34
<i>CDH13</i>	Cadherina 13
<i>THBS1</i>	Trombospondina 1
<i>COL6A3</i>	Colágeno 6 α 3
<i>MMP1</i>	Metaloproteinasa 1
<i>COL13A1</i>	Colágeno 13 α 1
<i>IL6</i>	Interleukina 6
<i>S100A4</i>	Proteína S100 de unión a calcio A4
<i>TFPI2</i>	Inhibidor de la vía del factor tisular 2
<i>CAV1</i>	Caveolina 1
<i>VCAN</i>	Versican
<i>IL33</i>	Interleukina 33
<i>ITGA11</i>	Integrina α 11
<i>THBS2</i>	Trombospondina 2
<i>MMP3</i>	Metaloproteinasa 3
<i>SNAI1</i>	Snail 1
<i>COL1A2</i>	Colágeno 1 α 2
<i>CD44</i>	Cluster de diferenciación 44
<i>MMP2</i>	Metaloproteinasa 2
<i>VDR</i>	Receptor de Vitamina D
<i>FAP</i>	Proteína de activación de fibroblasto
<i>SNAI2</i>	Snail 2
<i>ADAM12</i>	Proteína disintegrina y metaloproteinasa 12
<i>YWHAZ^(*)</i>	Proteína activadora tirosina 3-monooxigenasa/triptófano 5-monooxigenasa
<i>CLDN1</i>	Claudina 1
<i>GREM1</i>	Gremlin 1
<i>COL4A6</i>	Colágeno 4 α 6
<i>RN18S1^(*)</i>	Proteína ribosomal 18S 1
<i>CTSK</i>	Cathepsina K

<i>WT1</i>	Proteína tumor de Wilms 1
<i>HSPB8</i>	Proteína de choque térmico β 8
<i>ITGB4</i>	Integrina β 4
<i>AQP1</i>	Acuaporina 1
<i>MMP9</i>	Metaloproteinasa 9
<i>VTN</i>	Vitronectina
<i>BMP4</i>	Proteína morfogénica ósea 4
<i>CDH3</i>	Cadherina 3
<i>HSPA2</i>	Proteína de choque térmico α 2
<i>KDR</i>	Receptor dominio tirosin-kinasa tipo III
<i>CDH1</i>	Cadherina 1
<i>LAMA5</i>	Laminina α 5
<i>CXCL14</i>	Quimioquina (motivo C-X-C) ligando 14
<i>ITGB2</i>	Integrina β 2
<i>BMP7</i>	Proteína morfogénica ósea 7
<i>THBD</i>	Trombomodulina
<i>PRG4</i>	Prostaglandina 4
<i>TBP^(*)</i>	Tubulina

Tabla 6: Listado de genes empelados en la validación de los microarrays mediante la técnica de PCR cuantitativa en tiempo real. ^(*) Gen de referencia o housekeeping.

Para los ensayos de PCR cuantitativa en tiempo real mediante SYBR Green, se utilizó una dilución 1/12,5 (20 μ l de ADNc hasta 250 μ l de H₂O). Se utilizó el kit DNA Probes Master (Roche Applied Science), y de acuerdo con las instrucciones del fabricante, se usaron 2 μ l de la dilución de ADNc en un volumen total de reacción de 20 μ l para cada ensayo/pocillo, siendo las condiciones de reacción: un ciclo de 10 minutos a 95°C; 45 ciclos de 10 segundos a 95°C, 30 segundos a 60°C y 1 segundo a 72°C; 4°C hasta la recogida de las muestras.

El análisis y la obtención de los datos por duplicado se realizó a partir de las siguientes 19 muestras: 2, 5, 7, 17, 20, 22, 23, 607, 628, 655, 680, 819, 829, 847, 861, 862, 876, 882 y pool. Los ciclos umbrales (cycle threshold, Ct),

se calcularon aplicando el método de la segunda derivada de la señal de amplificación, mediante el Light Cycler 480 Software (Roche Applied Science). A partir de estos Ct, se realizaron los cálculos de expresión relativa, aplicando el algoritmo $2^{-\Delta\Delta Ct}$.

La muestra de pool control fue utilizada como calibrador para las PCR cuantitativas en tiempo real, y como genes de referencia se usaron los genes 18S y TBP.

Para el gen GREM1 se aplicó a demás otro protocolo de validación, utilizando el sistema Taqman y a partir del ARNm extraído de 51 cultivos de células mesoteliales obtenidas de los efluentes de pacientes sometidos a diálisis peritoneal. La PCR cuantitativa en tiempo real se realizó mediante el sistema Light Cycler 480 Software (Roche Applied Science), se utilizaron los oligos para el gen GREM1 (Hs00171951_m1; Applied Biosystems; Foster City, California, USA) para medirlo en muestras obtenidas de pacientes, el gen 18S (5'ATCCATTGGAGGGCAAGTC3' y 5'GCTCCCAAGATCCAACTACG3') fue utilizado como gen de referencia en la normalización de los datos, y se usó Taqman FAM dye (Roche) para el marcaje. Se utilizó como master mix FastStart Universal Probe Master (ROX) (Roche) y las PCR se realizaron mediante el siguiente programa: 50°C, 2 minutos; 95°C, 10 minutos; 60 ciclos a 95°C, 15 segundos; y 60°C, 10 segundos. Las muestras se mantuvieron a 4°C hasta su recogida. La obtención de los Ct y expresión relativa se realizaron con los mismos método que los indicados anteriormente.

5. EXPRESIÓN GÉNICA DIFERENCIAL Y ANÁLISIS DE LOS MICROARRAYS

Los datos obtenidos en los archivos generados al escanear los microarrays, fueron analizados con el software libre Babelomics (babelomics.bioinfo.cipf.es)¹⁰⁷, en colaboración con la Unidad de Genómica del Parque Científico de Madrid (Campus de Moncloa). A partir del marcaje en dos

colores se obtiene un ratio (marcaje en un color/marcaje en el otro color) para cada muestra, pudiéndose calcular una media de los ratios.

El análisis de lo microarrays se realizó en tres partes:

1. Respuesta “*in vitro*” de la MMT: se analizaron 3 muestras de células de omento (control) y sus respectivas contrapartidas estimuladas para sufrir MMT (tratamiento). En total se hibridaron 6 microarrays mediante Dye-swap (inversión de fluoróforo).
2. Respuesta de los controles “*ex vivo*”: se compararon los controles de omento entre sí mediante 4 microarrays.
3. Respuesta “*ex vivo*” la de MMT en células mesoteliales con fenotipo Epitelioide y No Epitelioide: se partió de 18 pacientes (9 Epitelioides y 9 No Epitelioides) que se hibridaron frente a un pool de 4 omentos, y mediante Dye-swap. Realizándose en total 36 microarrays.

5.1. PROCESAMIENTO DE LOS DATOS Y NORMALIZACIÓN

El procesamiento de los datos obtenidos de los microarrays, así como su normalización, se realizó de manera idéntica en todos los grupos estudiados.

Se cargaron los datos obtenidos del software de imagen Feature Extraction v9.5 (Agilent Technologies) en el software de licencia libre Babelomics.

A la hora de realizar los análisis, se descartó el omento B en los estudios “*in vitro*” y uno de los pacientes No Epitelioides en los estudios “*ex vivo*”, pues los resultados obtenidos de estas muestras no concordaban bien con los demás.

En el resto de datos, los métodos de normalización empleados, para el posterior análisis de expresión diferencial, fueron:

- Corrección de fondo: restar (*Background correction: subtract*).

- Método Intra-array: Técnica matemática *loess* (que es la versión del software libre Babelomics de la técnica matemática *lowess* o LOcally WEighted Scatterplot Smothing) para la normalización en el array (*Within arrays normalization: loess*).
- Método Inter-array: Normalización por *cuantiles* para normalizar entre arrays (*Between arrays normalization: quantiles*).

Las técnicas de *loess/lowess* y normalización por cuantiles son las más utilizadas a la hora de normalizar y procesar los datos en los estudios de microarrays.

Al aplicar todas estas técnicas, se obtuvieron los ratios normalizados y los spots replicados fueron unidos con una media (*average replicates*).

5.2. EXPRESIÓN GÉNICA DIFERENCIAL

Para determinar la expresión génica diferencial y así poder determinar los genes que se inducen o se reprimen en nuestro modelo de MMT, se realizó un análisis Limma One-Class, (Babelomics). Se escogió este tipo de análisis porque es el más adecuado cuando se tiene un tamaño de muestra pequeño, permite una estimación de la desviación típica (S), devuelve un menor número de falsos positivos que el t-test y admite análisis de la varianza. Además se aplicó una corrección para múltiples test de False Discovery Rate (**FDR**; Benjamini & Hochberg). Esta corrección es la que consigue eliminar más falsos negativos y es la más indicada para microarrays.

A partir de los ratios normalizados se realizó la unión de los puntos o spots replicados mediante una media.

Lo que se obtuvo con éste análisis fue una media del ratio y un valor p (**p-value**) ajustado con FDR. En todos los casos se consideró que el gen estaba sobre-expresado cuando el ratio era mayor o igual a 2 ($\text{ratio} \geq 2$) e infra-expresado cuando el ratio era menor o igual a 0,5 ($\text{ratio} \leq 0,5$). O lo que es lo mismo, se consideró que un gen estaba sobre-expresado o inducido cuando su

expresión fue el doble respecto el control, e infra-expresado o reprimido cuando dicha expresión fue la mitad respecto el control.

En todos los casos se consideró que, además de tener unos ratios con valores mayores de 2 o menores de 0,5, debían presentar un valor de FDR menor de 0,01 ($FDR \leq 0,01$).

Para los estudios de agrupamiento o *clustering* entre las distintas muestras se empleó el software TIGR MeV v4¹⁰⁸, utilizándose la distancia Euclidiana el Ligamiento Promedio (*Average Linkage*).

En los análisis de anotación funcional se utilizó el software de licencia libre Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery (DAVID) Bioinformatics Resource^{109,110} v6.7 (david.abcc.ncifcrf.gov).

6. ESTUDIOS MEDIANTE ARNm, PROTEÍNAS Y DATOS CLÍNICOS

Se seleccionaron 26 pacientes sometidos a diálisis peritoneal en el Hospital de la Paz (Madrid), de los cuales se obtuvieron muestras de plasma, células mesoteliales obtenidas de los efluentes de pacientes sometidos a diálisis peritoneal y sobrenadantes procedentes de los cultivos de estas células, ARNm y los correspondientes datos clínicos, distribuyéndose en 26 muestras Basales, 26 muestras de 12 meses, 20 muestras de 18 meses y 11 muestras de 24 meses, resultando un total de 83 muestras. Se seleccionaron 40 muestras de efluentes de líquidos de diálisis peritoneal, de los cuales 20 drenaron células mesoteliales con fenotipo Epitelioide y 20 con fenotipo No Epitelioide. Debido a la disponibilidad de las muestras, así como al volumen y calidad de cada una de ellas, en los estudios con plasma y sobrenadante se utilizó un número algo inferior de lo indicado, mientras que sólo se pudo hacer qPCR de 51 muestras de ARNm.

6.1. PCR CUANTITATIVA EN TIEMPO REAL

Para la realización de los estudios a partir del ARNm extraído de las células mesoteliales obtenidas de las 51 muestras de pacientes en tratamiento de diálisis peritoneal, dicho ARNm se aisló de la misma forma expuesta anteriormente. Fue cuantificado mediante NanoDrop ND-1000 y su calidad determinada mediante Bioanalyzer 2100.

La reacción de transcripción reversa fue llevada a cabo mediante High Capacity RNA to cDNA kit (Life Technologies; Carlsbad, California, USA) siguiendo las recomendaciones del fabricante. Se utilizó 1 µg de ARN total en un volumen final de reacción de 25 µl.

La PCR cuantitativa en tiempo real (**RT-qPCR**) fue llevada a cabo en placas de 384 pocillos usando el sistema de detección Taqman® Gene Expression Assays (Life Technologies y Applied Biosystems; Foster City, California, USA). Las sondas o primers utilizados se muestran en la Tabla 7:

Número de Catálogo	Identificador del Ensayo	Símbolo del Gen
4448892	Hs01028916_m1	AQP1, hCG39137
4453320	Hs00233476_m1	BMP7, hCG40100
4453320	Hs01075861_m1	CD44, hCG1811182
4453320	Hs01023894_m1	CDH1, hCG28201
4448892	Hs01004530_m1	CDH13, hCG38474
4448892	Hs00193225_m1	COL13A1, hCG1787551
4448892	Hs00915125_m1	COL6A3, hCG23027
4448892	Hs01879841_s1	GREM1, hCG1811964
4453320	Hs00369211_m1	IL33, hCG31015
4453320	Hs00911700_m1	KDR, hCG31572
4448892	Hs02569742_s1	KRT34, hCG1641096
4453320	Hs00899658_m1	MMP1, hCG41471
4453320	Hs01548727_m1	MMP2, hCG24148
4453320	Hs00427620_m1	TBP, hCG2029691
4453320	Hs00197918_m1	TFPI2, hCG19196
4453320	Hs00264920_s1	THBD, hCG1643886
4453320	Hs00962908_m1	THBS1, hCG1787130
4453320	Hs00900055_m1	VEGFA, hCG18998
4453320	Hs03044281_g1	YWHAZ, hCG1811195, hCG21543, hCG2009146

Tabla 7: Sondas/primers empleados en los estudios de PCR cuantitativa a tiempo real.

Los ensayos son mezclas de primers y sondas verificados por Life Technologies y se escogieron utilizando los criterios de Best Coverage (recomendado para experimentos de expresión génica estándar pues detecta el máximo número de transcritos del gen de interés) y que el ensayo estuviera disponible en formato estándar. Se puede obtener más información de cada ensayo en particular introduciendo su identificador en el buscador de la página <http://www.lifetechnologies.com/es/en/home/life-science/pcr/real-time-pcr/real-time-pcr-assays.html>.

En cada uno de los pocillos de la placa se añadieron 2,5 µl de ADNc (dilución 1/10), 0,5 µl de la sonda o primer correspondiente, 5 µl de Taqman^R Gene Expression Master Mix (Applied Biosystem) y 2 µl de agua.

La PCR se llevó a cabo en un equipo 7900 HT Fast Real-Time PCR System (Applied Biosystem) con 10 minutos a 95°C, 40 ciclos de 15 segundos a 95°C y 1 minuto a 60°C. Los datos se recogieron con SDS software y se analizaron con RQ Manager y DataAssistTM (Life Technologies), definiendo el pool de omentos como muestra calibradora y TBP como gen de referencia. A partir de los Ct, se realizaron los cálculos de expresión relativa, aplicando el algoritmo $2^{-\Delta\Delta Ct}$.

6.2. SILENCIAMIENTO DE *GREM1*

Se plaquearon 120000 células obtenidas en efluentes en pocillos de placas p24. Se transfectó con el *ARN pequeño de interferencia (ARNip)* o *small interfering RNA (siRNA)*, un siRNA para la secuencia de ADNc de GREM1humano (Hs0179841_s1; Ambion) y un siRNA control (Ambion), preparando siRNA (tanto el de silenciamiento como el control) a 400 nM en 250 µl de Opti-MEM (GIBCO, Life technologies). Aparate, se preparó 250 µl de Opti-MEM con 1,33 µl de DharmaFECT 1 (Dharmacon, GE Healthcare Life Science, Colorado, USA). Después de incubar ambos 5 minutos a temperatura ambiente, se mezclaron y se dejó incubar otros 20 minutos a temperatura ambiente. A esta nueva mezcla se le añadió 50 µl de FBS. Una vez que las

células estuvieron listas, se dio un lavado con Opti-MEM y se añadieron 550 µl en cada pocillo de la mezcla anteriormente preparada, quedando el siRNA a una concentración final aproximada de 200 nM y 10% de FBS. Al día siguiente se cambió el medio y se sustituyó por M199 fresco. Se dejan 24 horas y se repite otro ciclo de silenciamiento con siRNA. Al final, las células se lisaron, se aisló el ARN y se analizó *GREM1* (Hs00171951_m1; Applied Biosystems Inc) mediante el sistema Taqman, y mediante SYBR Green (Roche Diagnostics GmbH) se determinaron los genes *FN* (5'CCTGAAGCTGAAGAGACTTGCG3'; 5'CGTTTCTCCGACCACATAGGA3', T_m=66°C), *COL1* (5'AATGATGTTGAACTTGTTGCTGA3'; 5'TTGTCTTTCCCCATTCATTTG3', T_m=64°C), y el gen *18S* (5'ATCCATTGGAGGGCAAGTC3'; 5'GCTCCCAAGATCCAACACTACG3', T_m=58°C) como gen normalizador.

6.3. WESTERN-BLOT

En los estudios “*in vitro*” realizados en Pharmakine S.L., se realizó un Western Blot para comprobar los niveles de E-Cadherina entre las células mesoteliales que habían sufrido un tratamiento inductor de MMT y las que no.

Para ello, las células se cultivaron en frascos T-25 tal y como se indica en un apartado anterior, y se lavaron tres veces con PBS1X para eliminar todos los restos de suero que acompañaban al medio de cultivo. Las células fueron lisadas en buffer RIPA (50 mM Tris-HCL pH 7,4, 150 mM NaCl, 1% SDS, 1% Triton X-100, 0,5% deoxicolato sódico) suplementado con inhibidores de proteasas (Roche Applied Science), manteniéndose en hielo en todo momento con el fin de evitar la degradación de las proteínas. El extracto de proteínas obtenido fue centrifugado a 13000 rpm, durante 15 minutos, a 4°C, recogiendo alícuotas del sobrenadante y almacenándolo a -80°C hasta su uso. La proteína total fue cuantificada mediante el método DC (BioRad; Hercules, California, USA).

Las proteínas fueron separadas en condiciones desnaturizantes mediante el método de electroforesis SDS-PAGE, en geles de poliacrilamida al

7,5%. Como patrón de pesos moleculares preteñidos se usó Broad Range (BioRad). Terminada la electroforesis se procedió a realizar la transferencia a una membrana de fluoruro de polivinilideno (Polyvinylidene fluoride, *PVDF*), la cual se bloqueó, para evitar las uniones inespecíficas, con tampón TBS-T (solución salina tamponada con Tris (Tris-buffered saline) con 1% Tween-20), complementado 5% de leche desnatada (p/v) y 1% de albúmina de suero bovino (Bovine serum albumin; *BSA*) (p/v).

La membrana fue incubada durante 1 hora a temperatura ambiente, con el anticuerpo primario anti E-Cadherina (Santa Cruz Biotechnology; Santa Cruz, California, USA) a una dilución 1:100 en TBS-T con 1% BSA. Después, se realizó la incubación con un anticuerpo secundario frente a ratón y que llevaba unida la peroxidasa (HRP), a una dilución 1:5000 en TBS-T con 1% BSA.

La detección de las proteínas se realizó mediante quimioluminiscencia con el kit SuperSignal West Dura Extended Substrate (Pierce; Rockford, Illinois, USA), y las imágenes se obtuvieron con una cámara CCD del equipo Quemi Doc (BioRad).

6.4. ELISA

A partir de los estudios de microarrays, se seleccionaron una serie de proteínas como posibles nuevos marcadores moleculares y fueron estudiadas mediante la técnica de ELISA, utilizando kits comerciales y siguiendo las instrucciones del fabricante: TSP1 y VEGF (R&D Systems); Colágeno XIII, Cadherina 13 y Gremlin1 (Uscn Life Science Inc; Houston, Texas, USA); MMP1 y MMP2 (Abnova Corporation; Taipei, Taiwan).

Todos estos kits se seleccionaron por su capacidad para detectar la proteína humana correspondiente. Las proteínas fueron medidas en sobrenadante de cultivos celulares de células mesoteliales procedentes de efluentes de diálisis y plasmas de pacientes sometidos a diálisis peritoneal.

Se procedió a medir por kit de ELISA el VEGF (R&D Systems), en los sobrenadantes de los cultivos, previamente filtrados. Se realizaron determinaciones de la concentración de TSP1, VEGF y GREM1 en 40 efluentes (20 drenaron células con fenotipo Epitelioide y 20 con fenotipo No Epitelioide) procedentes de pacientes en diálisis peritoneal.

7. ANÁLISIS ESTADÍSTICOS Y PROGRAMAS INFORMÁTICOS

Para establecer el Índice Elíptico empleado en los estudios estadísticos se realizaron las medidas sobre fotografías de los cultivos mediante el programa informático Image J (National Institute of Health; Bethesda, Maryland, USA). Se dividió la longitud mayor entre la menor de la célula, midiéndose diez células escogidas al azar en cada imagen y se calculó la media de los valores obtenidos, siendo este valor empleado en los análisis de correlaciones. Así mismo se utilizó para determinar el fenotipo Epitelioide o No Epitelioide de las células mesoteliales. Si el valor calculado del Índice Elíptico era mayor o igual a dos (≥ 2), es decir, la célula presenta una longitud el doble que su anchura, se le asignaba el fenotipo No Epitelioide. Si, por el contrario, el Índice Elíptico era menor de dos (< 2), el fenotipo asignado era Epitelioide.

Para los análisis estadísticos se empleó el software SPSS statistic package v20 (IBM; Chicago, Illinois, USA) y GraphPad Prism v5 (GraphPad Software, Inc; La Jolla, California, USA), siendo los test empleados el test desapareado de la t de Student (paramétrico) y el test U de Mann-Whitney (no paramétrico), según fuera necesario en cada caso. Para las correlaciones lineales se utilizó el test de regresión de Pearson (paramétrico) o el test de Spearman (no paramétrico). Para el estudio de Tablas de Contingencia se empleó como test estadístico el Chi Cuadrado de Pearson. Los resultados se expresan como media \pm desviación estándar y se consideró que existía significancia estadística cuando se obtenía una $p \leq 0,05$.

RESULTADOS

1. RESULTADOS DE LAS HIBRIDACIONES MEDIANTE MICROARRAYS

1.1. ESTUDIOS “*in vitro*”

Con el propósito de determinar el patrón de expresión génica diferencial de las células mesoteliales en un modelo “*in vitro*”, se realizaron los tratamientos e hibridaciones expuestos más adelante. Los resultados que se obtuvieron de estos experimentos aportan información para la validación de dicho modelo.

Para la realización de los estudios “*in vitro*” se trató a la mitad de las células obtenidas de tres omentos (Omento A, Omento B y Omento C) procedentes de individuos no urémicos distintos, con TGF- β 1 e IL-1 β durante 72h para inducir la MMT. La otra mitad de las células no fue sometida a ningún tratamiento, siendo el control del experimento. A la hora de realizar las hibridaciones se comprobó, en un primer análisis orientativo, que en el Omento B el número de genes, tanto sobre-expresados como infra-expresados, era bastante menor al compararlos con los Omentos A y C (Tabla 8).

Omento	Nº genes inducidos	Nº genes reprimidos
A	518	804
B	242	396
C	953	1274

Tabla 8: Primera aproximación de la expresión diferencial en los estudios “*in vitro*”. Inducidos, ratio \geq 2; reprimidos, ratio \leq 0,5.

Así mismo se pudo determinar al analizar los niveles de VEGF en los sobrenadantes de los cultivos celulares mediante ELISA, que la cantidad de VEGF en el control del Omento B, aproximadamente 10.000 pg/10⁶ células, era más elevada respecto a los controles de los Omentos A y C, que en ningún caso supera los 2.000 pg/10⁶ células (Figura 7):

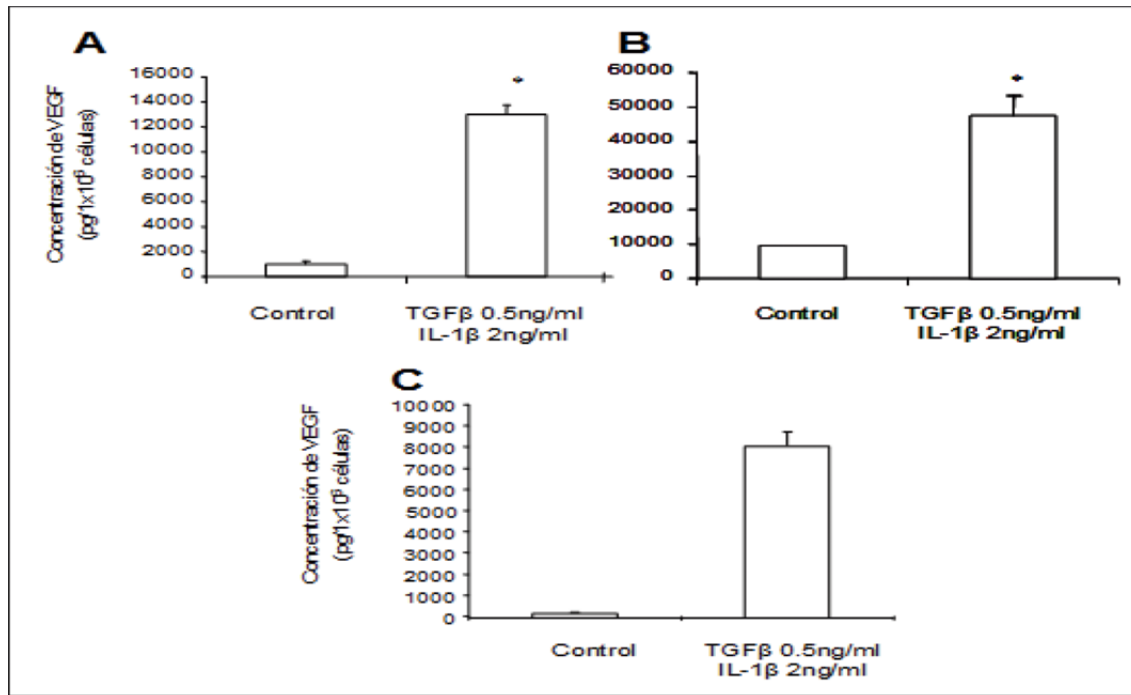


Figura 7: Niveles de VEGF en los sobrenadantes de los cultivos celulares de A: Omento A; B: Omento B; y C: Omento C, al ser tratadas o no con TGF-β e IL-1β, 72 horas. (*) Diferencias significativas entre células tratadas y no tratadas ($p \leq 0,01$). Test estadístico: t-Student (en los tres casos).

Mediante la técnica de Western Blot se pudo determinar la expresión de E-Cadherina en las muestras control y en las tratadas procedentes de los distintos omentos (Figura 8):

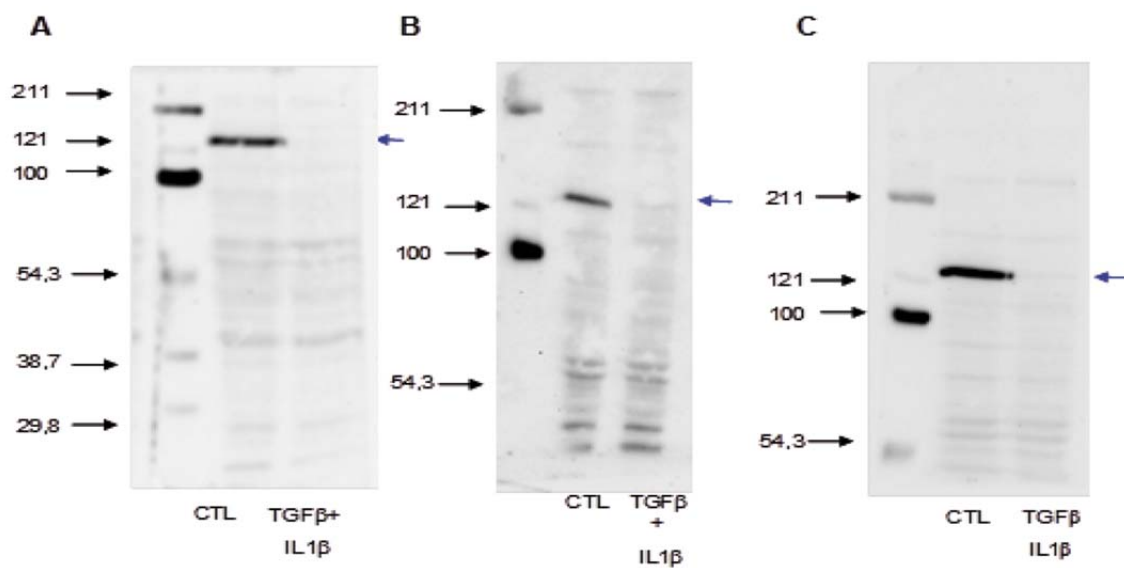


Figura 8: Western Blot de A: Omento A; B: Omento B; y C: Omento C. La flecha azul indica la banda correspondiente a la E-Cadherina.

Como se puede comprobar por la intensidad de la banda, la expresión de E-Cadherina en el control del Omento B es menor que en los Omentos A y C. También observamos la desaparición de la banda de E-Cadherina en las muestras tratadas para inducir la MMT.

Dado que estos resultados (número de genes que cambian su expresión en menor número respecto los otros dos omentos, cantidad de VEGF y E-Cadherina) nos indujeron a pensar que el Omento B podía encontrarse en etapas iniciales de MMT, se tomó la decisión de suprimir esta muestra y repetir los análisis de las hibridaciones.

Los análisis de expresión diferencial de los Omentos A y C se llevaron a cabo con el software libre Babelomics, mediante el análisis Limma One-Class y con una corrección para múltiples test de False Discovery Rate (FDR; Benjamini & Hochberg) $\leq 0,01$. Se obtuvieron la media de los ratios y un valor p (*p-value*) ajustado con FDR. Se consideró que un gen estaba sobre-expresado o inducido cuando el ratio era mayor o igual a 2 (ratio \geq 2) e infra-expresado o reprimido cuando el ratio era menor o igual a 0,5 (ratio \leq 0,5).

Los resultados obtenidos fueron los siguientes:

Genes comunes en los Omentos A y C	
Inducidos	Reprimidos
141	270

Tabla 9: Número de genes comúnmente inducidos (ratio \geq 2) o reprimidos (ratio \leq 0,5) en los omentos A y C.

En la tabla 9 se indica el número de genes que se inducen o que se reprimen cuando se trata a las células de los omentos A y C con TGF- β 1 e IL-1 β respecto a células de los mismos omentos sin tratar. Con estos datos podemos determinar que el número de genes reprimidos es mayor, siendo en este caso aproximadamente el doble, que el de genes inducidos en nuestro modelo “*in vitro*”. Gracias a estos resultados podemos concluir que, al menos

en este modelo, durante la MMT predominan los fenómenos de represión o infra-expresión de proteínas, en vez de inducir la expresión de nuevas moléculas o sobre-expresar las ya existentes.

1.2. ESTUDIOS “ex vivo”

Con el objetivo de, a partir de la expresión génica diferencial entre individuos sometidos a diálisis peritoneal e individuos sin patología renal, encontrar posibles nuevos marcadores moleculares de MMT para mejorar el diagnóstico y/o pronóstico de dichos pacientes, se realizaron los estudios expuestos a continuación.

Como en el caso de los estudios “*in vitro*”, en los estudios “*ex vivo*”, los análisis se realizaron con el software libre Babelomics, mediante Limma One-Class con corrección de $FDR \leq 0,01$. Se obtuvo una media de los ratios de las distintas muestras y un valor p ajustado con FDR. Si el ratio era mayor o igual a 2, se consideraba al gen como inducido, y si era menor o igual a 0,5, se le consideraba reprimido. Así, obtuvimos una serie de genes diferencialmente expresados para cada uno de los fenotipos definidos.

1.2.1. CONTROLES “ex vivo”

Al realizar las hibridaciones de los cuatro omentos entre sí para validar el pool de omentos como control en los estudios “*ex vivo*”, se obtuvo:

Genes comunes en el pool de cuatro omentos	
Inducidos	Reprimidos
58	37

Tabla 10: Número de genes inducidos ($\text{ratio} \geq 2$) o reprimidos ($\text{ratio} \leq 0,5$) comunes en los cuatro omentos que forman el pool control de los experimento “*ex vivo*”.

El número de genes inducidos es mayor que el de genes reprimidos (Tabla 10), pero sin llegar a ser el doble. En ambos grupos, el número de genes que cambian su expresión es realmente bajo, sobre todo si tenemos en cuenta la gran cantidad de genes que se compararon en los microarrays de los cuatro omentos. Estos resultados muestran la idea de que la variación interindividual en las muestras de omento de este estudio es mínima y puede considerarse despreciable, validando la formación de un pool control equimolecular a partir del ARN obtenido de las células extraídas de estos omentos.

1.2.2. ANÁLISIS DE LAS MUESTRAS DE PACIENTES

Al hibridar las muestras de los pacientes respecto al pool control de omentos y en un análisis preliminar al realizar un cluster o agrupamiento, el cual ordena las muestras según la expresión génica determinada en el microarray, se comprobó que las muestras tanto Epitelioides como No Epitelioides agrupaban bien entre sí, excepto la muestra HLP10 que siendo No Epitelioide, aparecía agrupada con las Epitelioides. Teniendo la sospecha de que esta muestra podría estar en un estado más temprano de la MMT que el resto de muestras No Epitelioides, se decidió suprimirla del estudio y se volvieron a realizar los análisis de expresión génica diferencial, esta vez con nueve muestras Epitelioides y ocho No Epitelioides.

Se obtuvieron 34 ratios de otros tantos microarrays. Para simplificar el análisis estadístico, primero se calculó el ratio por muestra que se deriva del Dye-swap o inversión de fluoróforo, obteniendo así un ratio por cada muestra, teniendo al final nueve ratios Epitelioides y ocho No Epitelioides. Con estos ratios se realizaron dos tipos de análisis:

Respuesta No Epiteliode y Epiteliode:

Mediante el establecimiento del Índice Elíptico, las células mesoteliales obtenidas de los pacientes se clasificaron en dos grupos, Epitelioides (Índice Elíptico < 2 , con una morfología poligonal o empedrada) y No Epitelioides (Índice Elíptico ≥ 2 , presentando un aspecto alargado o fibroblastoide). El test estadístico empleado en estos estudios fue Limma One-Class, en un valor p ajustado con FDR.

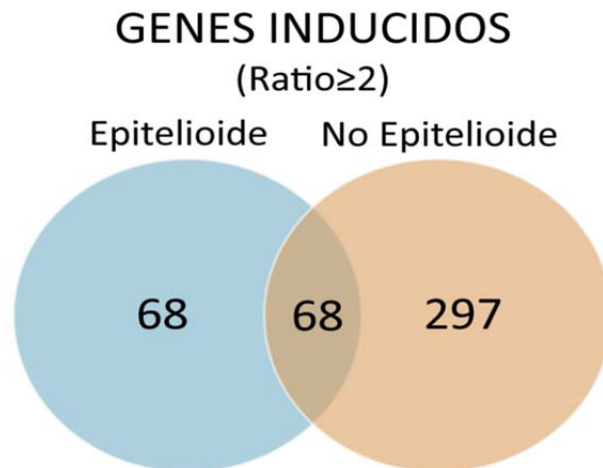
Gracias a los estudios realizados mediante microarrays se determinó el número de genes diferencialmente expresados en los grupos Epiteliode y No Epiteliode, así como los genes, tanto inducidos como reprimidos, que eran comunes en ambos grupos, obteniéndose los siguientes resultados:

Grupos	Inducidos	Reprimidos
Epiteliode	136	279
No Epiteliode	365	791
Comunes	68	202

Tabla 11: Número de genes inducidos (ratio ≥ 2) y reprimidos (ratio $\leq 0,5$) en el fenotipo No Epiteliode, Epiteliode y comunes en ambos fenotipos.

Como se puede observar en los datos obtenidos (Tabla 11 y Figura 9A), el número de genes inducidos es mayor en las células mesoteliales que presentan un fenotipo No Epiteliode, siendo además mayoritarios los genes que se inducen exclusivamente en este fenotipo (297 genes), sin ser comúnmente expresados en las células Epitelioides (68 genes). Cuando nos fijamos en las células mesoteliales con fenotipo Epiteliode, podemos comprobar que prácticamente la mitad de los genes inducidos se expresan únicamente en este fenotipo, mientras que la otra mitad se expresa en común con las células No Epitelioides (68 genes en ambos casos).

A



B

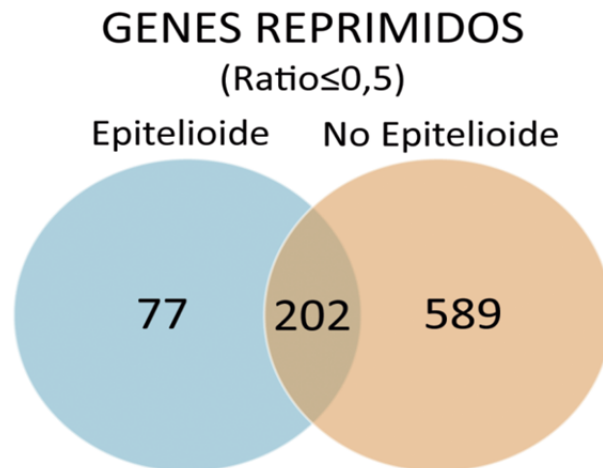


Figura 9: Número de genes diferencialmente expresados en los fenotipos celulares Epitelioide y No Epitelioide, incluidos los comunes en ambos fenotipos, a partir de muestras de pacientes y respecto al pool control de omentos. A: genes inducidos. B: genes reprimidos. En ambos casos obtenemos un número de genes mayor en el fenotipo No Epitelioide.

Si nos fijamos en los genes reprimidos (Figura 9B), podemos constatar que su número es mayor en las células No Epitelioides y que la mayoría no son comunes con las células Epitelioides, siendo exclusivos del primer fenotipo (589 genes). Por otro lado, en las células Epitelioides, se ve claramente que la mayoría de los genes reprimidos son comunes con fenotipo No Epitelioide (202

genes), siendo bajo el número de genes reprimidos exclusivos de este grupo (77 genes).

Considerando estos datos, podemos determinar que el número de genes reprimidos es siempre mayor que el de inducidos, ya sea en células Epitelioides, No Epitelioides o genes comunes en ambos fenotipos (Tabla 11 y Figura 9) y dado que la cantidad de genes diferencialmente expresados es siempre mayor en el fenotipo No Epitelioide, parece indicar que cuanto más avanzado se encuentra el proceso de MMT, mayor es la cantidad de genes que cambian su patrón de expresión.

Respuesta No Epitelioide vs Epitelioide:

En esta aproximación del análisis de los datos, se enfrentaron los ocho ratios No Epitelioides frente a los nueve ratios Epitelioides, obteniéndose un ratio medio de cambio de las muestras No Epitelioides frente a las muestras Epitelioides. El análisis empleado para obtener la significancia estadística fue Limma Two-Class, con un valor p ajustado por FDR. De esta forma se obtienen los genes diferencialmente expresados en las células No Epitelioides respecto a las células Epitelioides (y no frente al pool control, como en el caso anterior). En este contexto, y de forma similar a lo expuesto anteriormente, tenemos que el número de genes reprimidos es superior, muy próximo al doble, respecto a los genes inducidos (Tabla 12). Son estos los genes que nos distinguen entre un estado temprano o uno más avanzado durante la transición mesenquimal, siendo potenciales biomarcadores del proceso de MMT.

No Epitelioide vs Epitelioide	
Inducidos	Reprimidos
130	238

Tabla 12: Número de genes inducidos ($\text{ratio} \geq 2$) y reprimidos ($\text{ratio} \leq 0,5$) de las muestras No Epitelioides frente a las muestras Epitelioides.

1.3. COMPARACIÓN DE LA EXPRESIÓN GÉNICA DIFERENCIAL “in vitro” y “ex vivo”

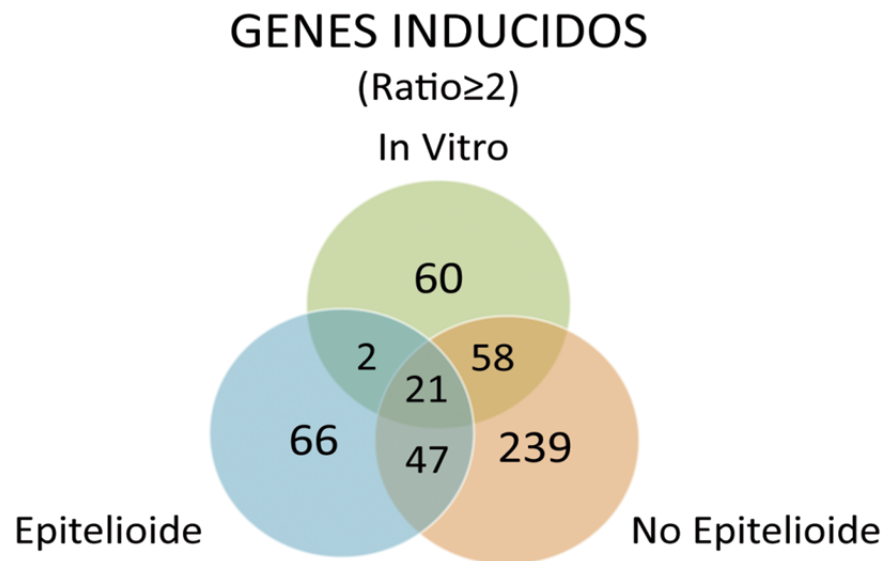
Una vez obtenidos el número de genes diferencialmente expresados en cada grupo, tanto inducidos como reprimidos, a partir de los estudios anteriormente expuestos se realizó una comparación entre todos ellos, tanto de los datos procedentes de los trabajos “*in vivo*” como de los trabajos “*ex vivo*”, para determinar el número de genes que había en común o no entre todos ellos. Los resultados fueron los siguientes:

Grupos	Genes Inducidos Comunes	Genes Reprimidos Comunes
In Vitro-NE-E	21	76
In Vitro-E	23	80
In Vitro-NE	79	150
NE-E	68	202

Tabla 13: Número de genes comúnmente inducidos ($\text{ratio} \geq 2$) o reprimidos ($\text{ratio} \leq 0,5$) en los grupos indicados. Los Omentos A y C son procedentes de los estudios del modelo “*in vitro*”. NE: No Epitelioide, E: Epitelioide, ambos grupos procedentes de los estudios “*ex vivo*” a partir de pacientes sometidos a diálisis peritoneal.

Al ver estos resultados (Tabla 13, Figura 10), se puede comprobar que estamos en una situación similar a las estudiadas hasta ahora, encontrando que el número de genes reprimidos es mayor que el de inducidos, presentándose esta diferencia en todos los grupos que comparamos, tanto en los genes comunes en distintos grupos, como en los que no. Estos datos también nos indican que el número de genes que cambian su expresión es mayor y en todos los casos, en el fenotipo No Epitelioide, tanto respecto al fenotipo Epitelioide como a los estudios “*in vitro*” (Figura 10).

A



B

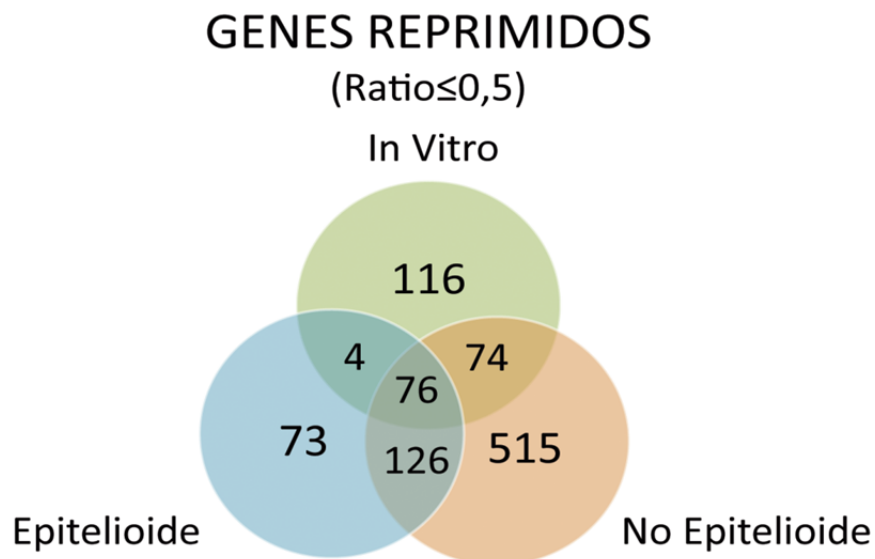


Figura 10: Número de genes diferencialmente expresados entre los distintos grupos estudiados, tanto de los procedentes de los estudios “*in vitro*” (omentos A y C) como procedente de los estudios “*ex vivo*”. A: genes inducidos. B: genes reprimidos. Obtenemos un número de genes mayor en el fenotipo No Epitelioide en todos los casos.

Es importante señalar que con estos datos podemos comprobar que los genes que están diferencialmente expresados en los Omentos A y C, a los que

se les ha inducido una MMT “*in vitro*”, no coinciden totalmente con los genes inducidos o reprimidos en las muestras de los pacientes que también están sufriendo una MMT (fenotipos Epitelioides y No Epitelioides). Se observa que hay un cierto número de genes en común, tanto en el caso de inducidos como en el de reprimidos, pero los genes expresados diferencialmente en el modelo “*in vitro*” de MMT no son exactamente los mismos genes del modelo “*ex vivo*”, existiendo un solapamiento parcial de los genes entre ambos modelos.

Además de lo hasta ahora indicado, se puede determinar que el número de genes diferencialmente expresados, ya sean inducidos o reprimidos, es mayor en las muestras No Epitelioides (que están en un estado más avanzado de MMT) que en las muestras Epitelioides (que están en un estado mucho más temprano de la transición mesenquimal) (Figura 10).

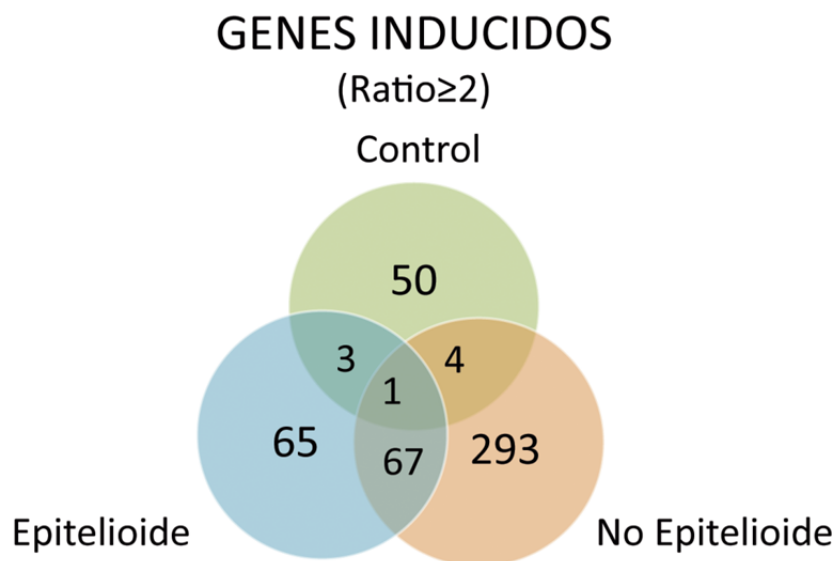
Cuando se comparó el número de genes inducidos y reprimidos de los controles “*ex vivo*” respecto a las muestras No Epitelioides y Epitelioides, se obtuvieron los siguientes resultados (Tabla 14):

Grupos	Inducidos Comunes	Reprimidos Comunes
Controles-NE-E	1	3
Controles-E	4	7
Controles-NE	5	6

Tabla 14: Número de genes inducidos ($\text{ratio} \geq 2$) o reprimidos ($\text{ratio} \leq 0,5$) en los controles de los experimento “*ex vivo*” al compararlo con los datos obtenidos de las muestras No Epitelioides (NE) y Epitelioides (E).

En la figura 11, se vuelve a observar que hay un mayor número de genes reprimidos que inducidos, y que los genes diferencialmente expresados son más numerosos en las muestras No Epitelioides respecto a las Epitelioides. Se puede comprobar el bajo número de genes comunes, ya sean inducidos o reprimidos, entre los controles “*ex vivo*” y las muestras de pacientes, tanto No Epitelioides como Epitelioides, lo que nos indica una baja incidencia de la variación de los controles en la respuesta a la MMT.

A



B

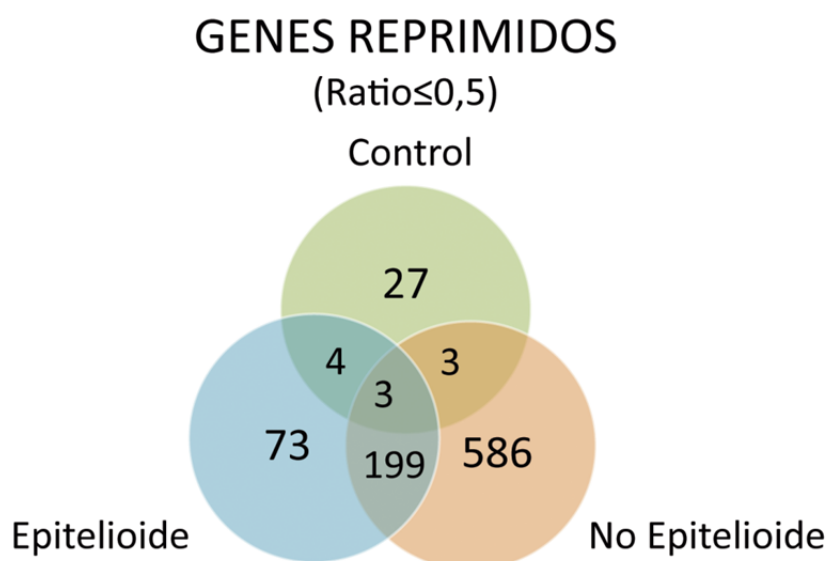


Figura 11: Representación gráfica del número de genes diferencialmente expresados al comparar los controles “*ex vivo*” con los fenotipos Epitelioide y No Epitelioide. A: genes inducidos. B: genes reprimidos. Obtenemos un número de genes mayor en el fenotipo No Epitelioide en todos los casos.

1.4. ESTUDIOS DE AGRUPAMIENTO O CLUSTERING

Una vez obtenidos los genes que se encuentran expresados diferencialmente en nuestros modelos de estudio, se procedió a realizar un agrupamiento o clustering de las muestras estudiadas mediante el programa TIGR MeV.

Utilizando el conjunto de todos los genes que se encuentran inducidos y reprimidos identificados en las muestras No Epitelioides y Epitelioides respecto al pool control en los estudios “*ex vivo*” como posible huella molecular o marcador, se realizó un primer agrupamiento para comprobar su eficacia (Figura 12).

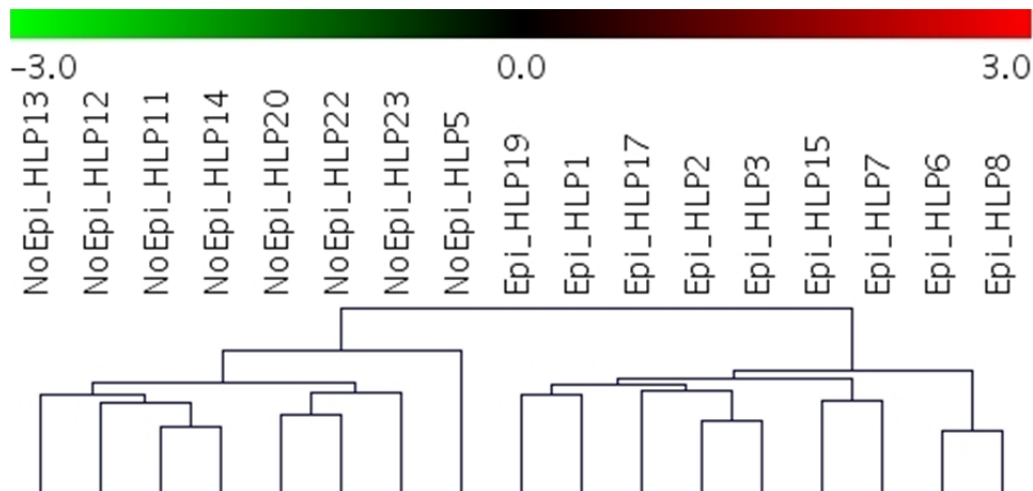


Figura 12: Agrupamiento de las muestras de los estudios “*ex vivo*” frente a el pool control de omento. Se observa que las muestras de un mismo fenotipo agrupan juntas.

El resultado que se obtuvo fue un buen agrupamiento de las muestras procedentes de los pacientes en cada uno de los fenotipos celulares definidos en este trabajo. Las muestras No Epitelioides agruparon juntas y lo mismo ocurrió con las muestras Epitelioides. Es oportuno señalar que los resultados

de los clusters pueden no ser exactamente los mismos en función de las distancias medidas en ellos, aunque los agrupamientos deben ser similares.

Se realizó una segunda clasificación en la que se utilizaron los genes inducidos y reprimidos que se obtuvieron a partir de los análisis realizados al comparar las muestras No Epitelioides frente a las Epitelioides (No Epitelioide vs Epitelioide) (Figura 13).

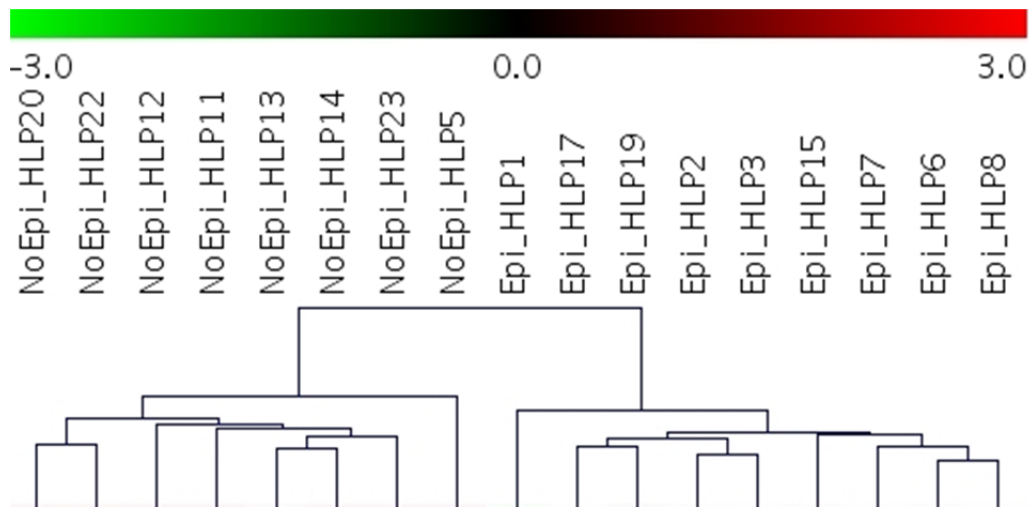


Figura 13: Agrupamiento de las muestras usando los genes diferencialmente expresados de las muestras No Epitelioides frente a las Epitelioides. Se observa que las muestras de un mismo fenotipo agrupan juntas.

En este segundo agrupamiento también se obtuvo una buena clasificación de las muestras en los dos grupos definidos, con las muestras No Epitelioides reunidas juntas, lo mismo que las muestras Epitelioides.

Los resultados similares entre los dos agrupamientos ayudan a confirmar la correcta selección de las muestras utilizadas en el estudio y que los genes diferencialmente expresados en los microarrays en verdad nos distinguen entre células que no han sufrido MMT, células que se encuentran en un estado temprano de MMT (fenotipo Epitelioide) y células en un estado más avanzado en el proceso de transición mesenquimal (fenotipo No Epitelioide).

2. VALIDACIÓN MEDIANTE PCR CUANTITATIVA EN TIEMPO REAL

De entre todos los genes diferencialmente expresados en los microarrays, se seleccionaron 45 de aquellos que presentaron una marcada inducción o represión, para realizar la validación de los microarrays mediante PCR cuantitativa en tiempo real. Se tomaron 19 muestras, 7 de ellas pertenecientes al estudio de microarrays (3 con fenotipo Epitelioide y 4 con fenotipo No Epitelioide), y 11 muestras (2 Epitelioides y 9 No Epitelioides) pertenecientes a pacientes sometidos a diálisis peritoneal que no habían sido incluidos en los estudios de expresión génica diferencial, además del pool control de omentos.

Al obtener los niveles de expresión de los genes seleccionados respecto al pool control, se pudo determinar que, utilizando los genes de la Tubulina (*TBP*) o el ribosoma 18S (*18S*) como genes de referencia, la mayoría de los genes seleccionados tenían un comportamiento igual o muy similar tanto en los resultados obtenidos mediante microarrays como en los proporcionados por la PCR cuantitativa en tiempo real, por lo que se consideró válida la técnica y los resultados de los estudios realizados a través de la metodología de los microarrays (Tablas 15 y 16).

Resultados

GEN	EPITELIOIDE			NO EPITELIOIDE			NO EPITELIOIDE vs EPITELIOIDE		
	n-veces	p-valor	FDR	n-veces	p-valor	FDR	n-veces	p-valor	FDR
IL1B	0,89	0,42773	0,60920	27,70	0,00001	0,00001	31,25	0,00116	0,00329
KRT34	1,61	0,88722	0,90651	37,36	0,00000	0,00000	23,26	0,00008	0,00062
CDH13	3,98	0,00013	0,00200	65,76	0,00000	0,00000	16,50	0,00000	0,00000
THBS1	1,83	0,35927	0,56286	25,87	0,00000	0,00000	14,11	0,00000	0,00001
COL6A3	3,66	0,02295	0,07704	43,34	0,00000	0,00000	11,83	0,00002	0,00024
MMP1	1,77	0,94821	0,94821	16,81	0,00001	0,00001	9,47	0,00382	0,00898
COL13A1	1,20	0,51359	0,63225	7,71	0,00001	0,00001	6,41	0,00113	0,00329
IL6	0,42	0,00558	0,03277	2,52	0,01457	0,01712	6,05	0,00064	0,00300
S100A4	2,11	0,65822	0,73658	11,32	0,00000	0,00000	5,38	0,00025	0,00148
TFPI2	5,22	0,00529	0,03277	26,61	0,00000	0,00000	5,10	0,01225	0,02616
CAV1	0,90	0,31412	0,54680	4,51	0,00000	0,00000	5,01	0,00002	0,00024
VCAN	1,01	0,54084	0,63549	4,94	0,00000	0,00000	4,87	0,00003	0,00032
IL33	1,92	0,52463	0,63225	8,08	0,00003	0,00004	4,20	0,03389	0,05310
ITGA11	2,07	0,10147	0,26494	7,26	0,00000	0,00000	3,51	0,01283	0,02622
THBS2	1,22	0,83526	0,87238	3,93	0,00000	0,00000	3,22	0,00085	0,00329
MMP3	4,12	0,05929	0,17417	10,50	0,00000	0,00000	2,55	0,01509	0,02735
SNAI1	1,51	0,49841	0,63225	3,65	0,00001	0,00001	2,41	0,01623	0,02825
COL1A2	0,94	0,40615	0,60920	2,12	0,02086	0,02392	2,26	0,05444	0,07996
CD44	4,27	0,15949	0,31878	8,41	0,00000	0,00000	1,97	0,01513	0,02735
MMP2	2,39	0,00879	0,04130	4,28	0,00000	0,00000	1,79	0,05885	0,08381
VDR	0,89	0,41563	0,60920	1,41	0,03776	0,04127	1,58	0,07491	0,10059
FAP	1,94	0,00726	0,03793	3,04	0,00000	0,00000	1,57	0,12547	0,15519
SNAI2	1,09	0,72065	0,76978	1,55	0,00072	0,00089	1,42	0,08651	0,10990
ADAM12	1,52	0,12317	0,27567	1,80	0,00082	0,00099	1,19	0,48447	0,51750
YWHAZ	1,14	0,46063	0,63225	1,33	0,02541	0,02843	1,17	0,53222	0,55587
CLDN1	0,37	0,00021	0,00249	0,32	0,00000	0,00000	0,88	0,42289	0,46223
GREM1	2,44	0,09292	0,25689	2,10	0,07031	0,07510	0,86	0,62803	0,64168
COL4A6	0,56	0,10834	0,26614	0,43	0,00023	0,00029	0,77	0,35545	0,39777
RN18S1	1,46	0,26685	0,49640	1,11	0,36567	0,38192	0,76	0,16033	0,18839
CTSK	4,01	0,00008	0,00200	2,94	0,00001	0,00001	0,73	0,29006	0,33251
WT1	0,56	0,01150	0,04914	0,36	0,00000	0,00000	0,64	0,06208	0,08581
HSPB8	0,79	0,13513	0,28868	0,48	0,00000	0,00000	0,61	0,03020	0,05069
ITGB4	0,68	0,34649	0,56286	0,38	0,00002	0,00002	0,56	0,04372	0,06629
AQP1	0,40	0,01891	0,06836	0,19	0,00000	0,00000	0,48	0,13506	0,16277
MMP9	18,88	0,71561	0,76978	8,00	0,78979	0,80696	0,42	0,86543	0,86543
VTN	0,50	0,01774	0,06836	0,20	0,00000	0,00000	0,40	0,01443	0,02735
BMP4	0,65	0,16278	0,31878	0,21	0,00000	0,00000	0,32	0,00119	0,00329
CDH3	0,90	0,48864	0,63225	0,28	0,00000	0,00000	0,32	0,00620	0,01389
HSPA2	1,40	0,48313	0,63225	0,42	0,00003	0,00004	0,30	0,00243	0,00601
KDR	0,73	0,35543	0,56286	0,21	0,00000	0,00000	0,29	0,00184	0,00481
CDH1	0,29	0,00478	0,03277	0,08	0,00000	0,00000	0,28	0,03235	0,05243
LAMA5	0,90	0,62339	0,71462	0,24	0,00000	0,00000	0,27	0,00100	0,00329
CXCL14	0,77	0,27460	0,49640	0,19	0,00000	0,00000	0,25	0,00106	0,00329
ITGB2	16,85	0,03691	0,11565	3,85	0,91652	0,91652	0,23	0,07987	0,10427
BMP7	0,35	0,00057	0,00536	0,07	0,00000	0,00000	0,20	0,00021	0,00143
THBD	0,27	0,00009	0,00200	0,05	0,00000	0,00000	0,19	0,00046	0,00242
PRG4	0,44	0,11325	0,26614	0,06	0,00000	0,00000	0,14	0,00081	0,00329

Tabla 15: Resultados de la validación mediante PCR cuantitativa en tiempo real usando *TBP* como gen de referencia. Los valores expuestos representa la media de las distintas muestras analizadas. Los valores marcados como 0,00 indican valores inferiores a 0,01.

Resultados

GEN	EPITELIOIDE			NO EPITELIOIDE			NO EPITELIOIDE vs EPITELIOIDE		
	n-veces	p-valor	FDR	n-veces	p-valor	FDR	n-veces	p-valor	FDR
IL1B	0,66	0,18871	0,37532	32,37	0,00000	0,00000	48,94	0,00018	0,00093
CDH13	2,78	0,00571	0,03833	76,10	0,00000	0,00000	27,41	0,00000	0,00000
KRT34	1,27	0,52939	0,65477	31,35	0,00000	0,00000	24,67	0,00000	0,00001
THBS1	1,43	0,90786	0,95861	28,72	0,00000	0,00000	20,12	0,00000	0,00000
MMP1	1,01	0,50875	0,64625	18,47	0,00000	0,00001	18,20	0,00083	0,00301
COL6A3	2,78	0,09902	0,29095	43,97	0,00000	0,00000	15,81	0,00000	0,00000
IL6	0,32	0,00256	0,03012	3,78	0,00860	0,01011	11,81	0,00021	0,00101
CAV1	0,64	0,10524	0,29095	6,48	0,00000	0,00000	10,19	0,00003	0,00020
TFPI2	3,85	0,05056	0,18280	35,85	0,00000	0,00000	9,32	0,00331	0,01037
COL13A1	0,92	0,12918	0,31956	7,75	0,00000	0,00000	8,45	0,00003	0,00020
VCAN	0,80	0,18675	0,37532	6,51	0,00000	0,00000	8,11	0,00005	0,00032
S100A4	1,64	0,67950	0,76039	12,94	0,00000	0,00000	7,90	0,00003	0,00020
IL33	1,29	0,91782	0,95861	9,06	0,00001	0,00001	7,00	0,00416	0,01151
MMP3	2,55	0,36342	0,53378	15,85	0,00000	0,00000	6,22	0,00621	0,01622
THBS2	0,94	0,42025	0,58093	5,14	0,00000	0,00000	5,45	0,00039	0,00166
CD44	3,19	0,61810	0,72627	15,90	0,00000	0,00000	4,98	0,00815	0,01916
ITGA11	1,57	0,48331	0,63099	7,77	0,00000	0,00000	4,94	0,00054	0,00212
SNAI1	1,10	0,67895	0,76039	4,36	0,00000	0,00001	3,97	0,00198	0,00665
VDR	0,68	0,19165	0,37532	2,32	0,06779	0,07410	3,40	0,04201	0,07899
COL1A2	0,73	0,11216	0,29287	2,45	0,00737	0,00888	3,36	0,00714	0,01766
MMP2	1,83	0,25656	0,43065	5,49	0,00000	0,00000	2,99	0,01052	0,02354
SNAI2	0,82	0,43476	0,58382	2,36	0,01523	0,01705	2,87	0,05113	0,09244
FAP	1,46	0,41524	0,58093	4,08	0,00001	0,00002	2,80	0,03449	0,07048
YWHAZ	0,83	0,56515	0,68108	2,15	0,08511	0,09091	2,58	0,16214	0,21773
MMP9	14,85	0,99586	0,99586	31,46	0,61538	0,62876	2,12	0,79415	0,84830
TBP	0,73	0,32249	0,48894	1,53	0,42106	0,43978	2,09	0,20952	0,27355
ADAM12	1,17	0,99203	0,99586	2,43	0,00368	0,00465	2,07	0,10024	0,16246
COL4A6	0,39	0,03931	0,15396	0,74	0,00123	0,00175	1,93	0,93343	0,97024
CLDN1	0,28	0,00490	0,03833	0,53	0,00068	0,00099	1,89	0,57030	0,63820
ITGB4	0,52	0,21943	0,39550	0,70	0,00152	0,00208	1,36	0,41841	0,49163
WT1	0,42	0,03457	0,15396	0,57	0,00155	0,00208	1,35	0,98656	0,98656
CTSK	2,96	0,01219	0,07162	3,88	0,00002	0,00004	1,31	0,64487	0,70486
GREM1	1,58	0,30678	0,48062	1,99	0,00306	0,00400	1,26	0,40074	0,48294
HSPB8	0,61	0,10007	0,29095	0,71	0,01459	0,01672	1,17	0,94960	0,97024
ITGB2	12,87	0,14861	0,34924	12,60	0,67262	0,67262	0,98	0,30705	0,39004
AQP1	0,31	0,00345	0,03241	0,24	0,00000	0,00000	0,79	0,50766	0,58196
KDR	0,54	0,20025	0,37647	0,39	0,00001	0,00002	0,72	0,07570	0,12706
VTN	0,39	0,01462	0,07633	0,28	0,00000	0,00001	0,70	0,36246	0,44831
BMP4	0,49	0,10113	0,29095	0,32	0,00001	0,00001	0,66	0,12074	0,18305
HSPA2	1,08	0,84377	0,92226	0,64	0,00376	0,00465	0,60	0,13965	0,20282
CDH3	0,68	0,22720	0,39550	0,40	0,00007	0,00010	0,59	0,14509	0,20282
LAMA5	0,65	0,27746	0,44968	0,35	0,00001	0,00002	0,54	0,06204	0,10800
CXCL14	0,60	0,17799	0,37532	0,30	0,00002	0,00003	0,50	0,11065	0,17335
THBD	0,20	0,00011	0,00510	0,08	0,00000	0,00000	0,42	0,03807	0,07455
CDH1	0,23	0,00070	0,01638	0,10	0,00000	0,00000	0,42	0,14672	0,20282
BMP7	0,28	0,00107	0,01678	0,10	0,00000	0,00000	0,35	0,03392	0,07048
PRG4	0,36	0,03878	0,15396	0,06	0,00000	0,00000	0,18	0,00371	0,01090

Tabla 16: Resultados de la validación mediante PCR cuantitativa en tiempo real usando 18S como gen de referencia. Los valores expuestos representa la media de las distintas muestras analizadas. Los valores marcados como 0,00 indican valores inferiores a 0,01.

GREM1 es el gen más inducido de todos, tanto en el caso Epiteliode como No Epiteliode, y como podemos observar en las tablas anteriores, su validación no es significativa. Por eso, se realizó una segunda validación con distintos oligos, siendo positiva en esta ocasión y obteniéndose que en Epitelioides está inducido 4,0313 veces, con un valor p de 0,001845; en No Epitelioides se induce 7,8212 veces y valor p de 0,003565; y en el caso de No Epitelioides vs Epitelioides está aumentado 1,9401 veces, con valor p de 0,765057.

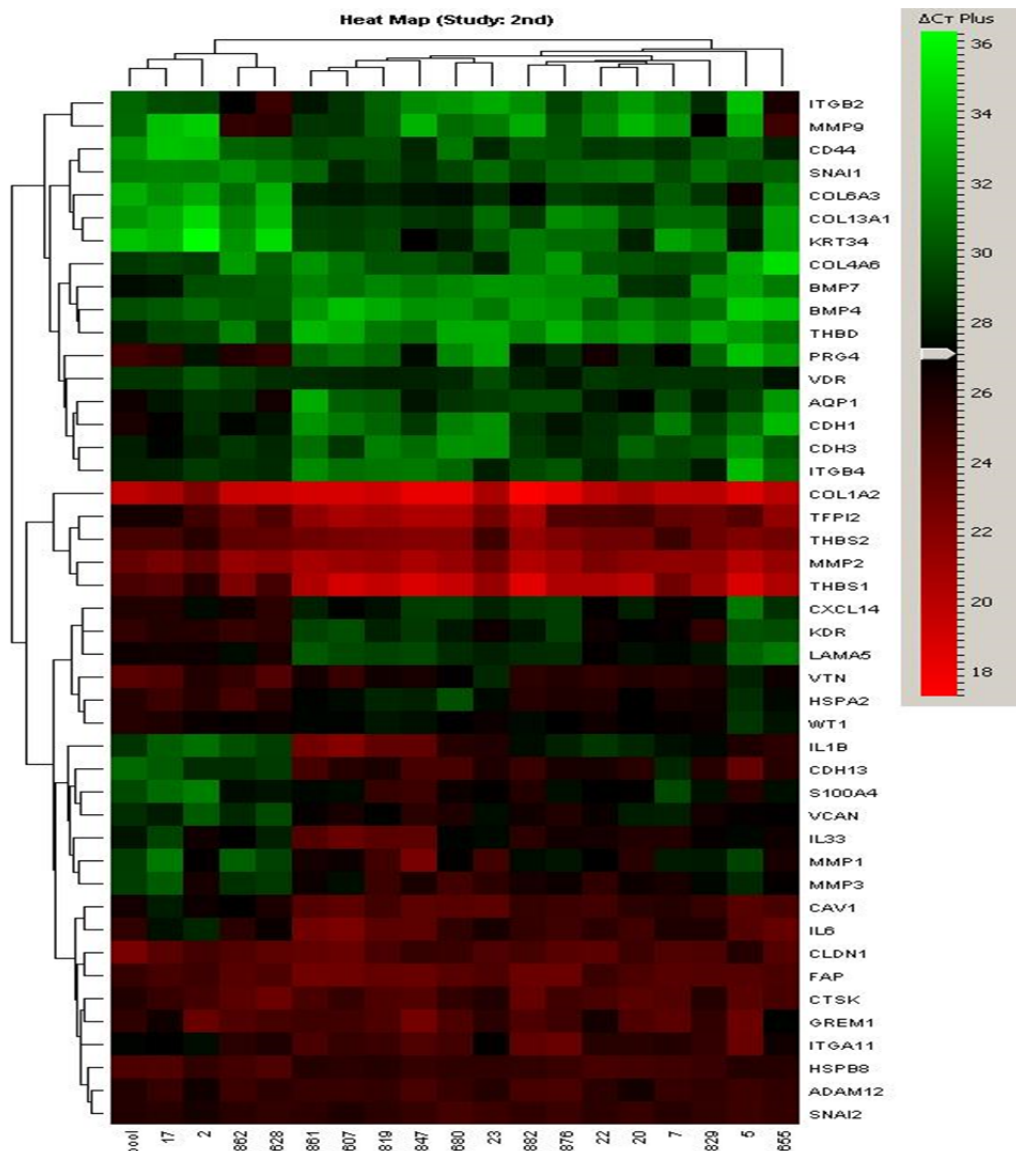


Figura 14: Agrupamiento de las muestras empleadas en la validación de los microarrays en función de los genes validados. Gen de referencia *TBP*. Los números de la parte inferior de la figura corresponden a las muestras analizadas. Se observa que las muestras de un mismo fenotipo agrupan juntas, a excepción de la muestra 7.

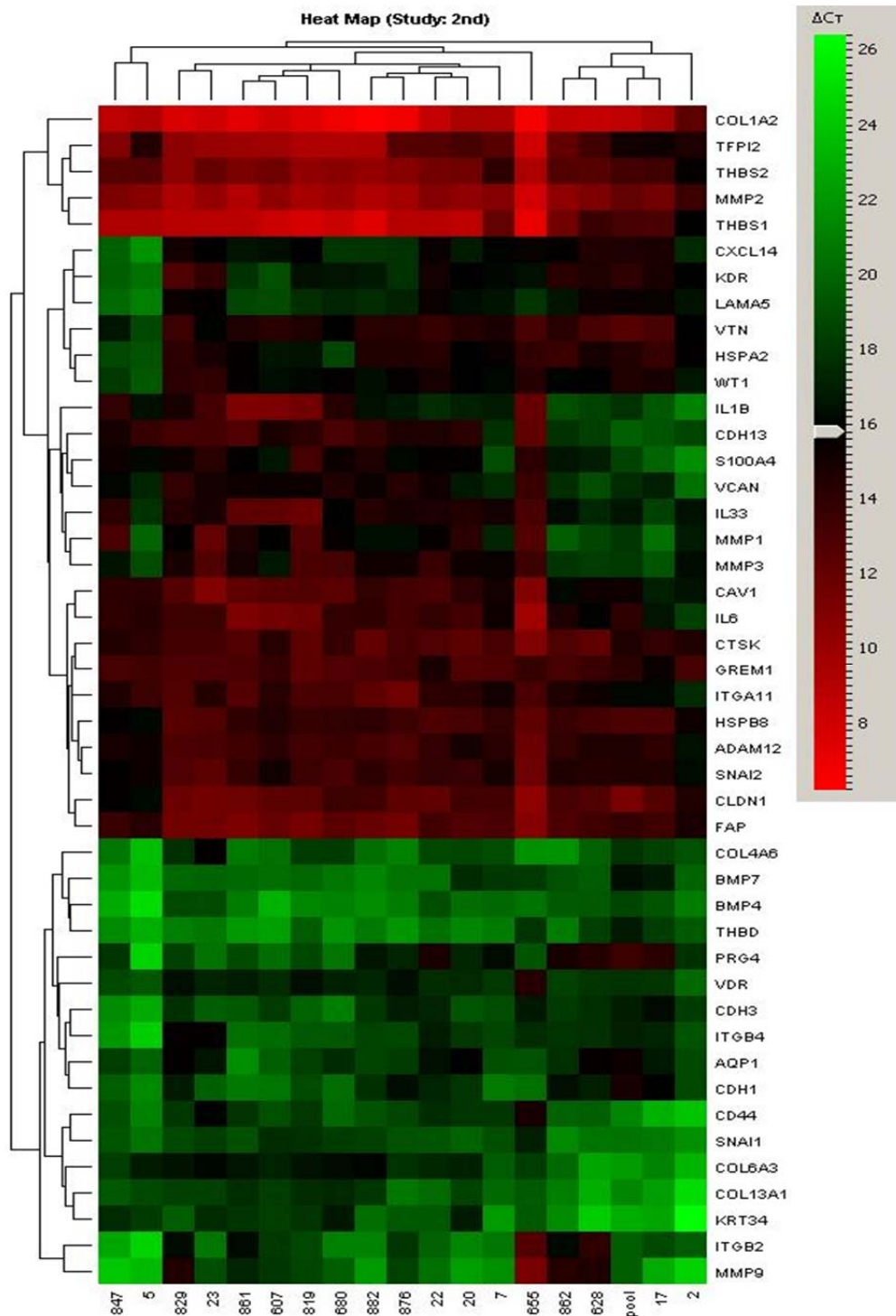


Figura 15: Agrupamiento de las muestras empleadas en la validación de los microarrays en función de los genes validados. Gen de referencia 18S. Los números de la parte inferior de la figura corresponden a las muestras analizadas. Se observa que las muestras de un mismo fenotipo agrupan juntas, a excepción de la muestra 7.

Usando los datos de validación, se procedió a realizar un agrupamiento de las muestras mediante cluster, de forma análoga a la realizada en los estudios de microarrays, siendo los resultados (Figuras 14 y 15).

A la vista de estos resultados, se puede comprobar que en ambos cluster, las muestras No Epitelioides (5, 20, 22, 23, 607, 665, 680, 819, 829, 847, 861, 876 y 882) y Epitelioides (2, 7, 17, 628 y 862) quedan bien agrupadas, con excepción de la muestra 7 (Epitelioide) que se agrupa con las No Epitelioides. La MMT es un proceso continuo, con multitud de estados intermedios no claramente diferenciados, y una posible explicación de esta situación es que la muestra 7 tal vez se encuentre en un estado más avanzado de la transición mesenquimal que el resto de muestras Epitelioides. Se puede comprobar que el pool control de omentos queda agrupado en torno a las muestras Epitelioides, lo que resulta lógico, ya que estas se encuentran en estados iniciales del proceso y su semejanza respecto al estado inicial en el que todavía no se ha iniciado la transición es mayor que en las No Epitelioides, que están en un estado mucho más avanzado y diferenciado.

Con estos agrupamientos queda demostrada la capacidad de estos genes seleccionados para la validación de los microarrays de discriminar entre células mesoteliales que presentan un fenotipo Epitelioide de las que presentan uno No Epitelioide.

3. ANÁLISIS DE ANOTACIÓN FUNCIONAL

Cada grupo de genes diferencialmente expresados fue sometido a un análisis de anotación funcional mediante el programa de acceso libre Database for Annotation, Visualization and Integrated Discovery (**DAVID**) Bioinformatics Resource. Gracias a este proceso, se obtuvo la Ontología Génica (*Gene Ontology*, **GO**) a partir de los dominios Proceso Biológico (*Biological Process*, **BP**), Componente Celular (*Cellular Component*, **CC**) y Función Molecular (*Molecular Function*, **MF**); y las redes de interacción moleculares mediante la Enciclopedia de Genes y Genomas de Kioto (*Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes*, **KEGG**). Se seleccionaron aquellas anotaciones que presentaban un valor p y un FDR menor o igual a 0,05 (valor $p \leq 0,05$ y $FDR \leq 0,05$). Debido a que hay anotaciones que presentan un valor $p \leq 0,05$ pero un $FDR \geq 0,05$,

encontramos el caso de dominios que no presentan ninguna anotación funcional asociada. Los resultados se presentan en las Tablas 22-29. La columna categoría indica la Ontología Génica a la que pertenece el término; la columna término indica a anotación en sí; la columna número de genes hace referencia al número de genes asociados a dicho término y la columna porcentaje indica la proporción de genes que están incluidos en dicho término.

FENOTIPOS NO EPITELIOIDE Y EPITELIOIDE						
GRUPO	CATEGORIA	TERMINO	Nº GENES	%	p-VALOR	FDR
INDUCIDO						>0,05
REPRIMIDO	Proceso Biológico	Desarrollo del Organismo Pluricelular	58	29,6	$8,50 \times 10^{-7}$	$1,40 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Desarrollo de la Estructura Anatómica	53	27	$1,20 \times 10^{-6}$	$2,00 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Desarrollo Sistémico	50	25,5	$1,50 \times 10^{-6}$	$2,50 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Proceso de Desarrollo	61	31,1	$1,60 \times 10^{-6}$	$2,70 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Desarrollo de Órganos	41	20,9	$2,20 \times 10^{-6}$	$3,70 \times 10^{-3}$
	Componente Celular	Región Extracelular	46	23,5	$2,60 \times 10^{-6}$	$3,30 \times 10^{-3}$
	Componente Celular	Parte de la Región Extracelular	27	13,8	$2,20 \times 10^{-5}$	$2,90 \times 10^{-2}$
	Componente Celular	Espacio Extracelular	22	11,2	$2,50 \times 10^{-5}$	$3,30 \times 10^{-2}$

Tabla 17: Análisis funcional de los genes inducidos y reprimidos en los fenotipos No Epitelioide y Epitelioide. En los genes inducidos no hay ningún término asociado debido a que aunque tuviesen un valor $p \leq 0,05$, no cumplían con el criterio de tener un $FDR \leq 0,05$. En los genes reprimidos tenemos en BP: 5 anotaciones y en CC: 3.

En el caso de los genes comúnmente inducidos en los fenotipos Epitelioide y No Epitelioide, ninguna de las anotaciones presentaba un $FDR \leq 0,05$ a pesar de mostrar valor p estadísticamente significativo. En los genes reprimidos encontramos un predominio de los procesos biológicos implicados en procesos de desarrollo a distintos niveles, con cinco anotaciones: desarrollo del organismo pluricelular, desarrollo de la estructura anatómica, desarrollo sistémico, proceso de desarrollo y desarrollo de órganos. Así mismo encontramos tres anotaciones correspondientes a la ontología de componente celular: región extracelular, parte de la región extracelular y espacio extracelular (Tabla 17).

Resultados

FENOTIPO EPITELIOIDE						
GRUPO	CATEGORIA	TERMINO	Nº GENES	%	p-VALOR	FDR
INDUCIDO	Componente Celular	Región extracelular	33	25,2	$6,50 \times 10^{-6}$	$7,90 \times 10^{-3}$
	Componente Celular	Parte de la Región Extracelular	21	16	$1,30 \times 10^{-5}$	$1,50 \times 10^{-2}$
	Rutas KEGG	Metabolismo de aminoazúcares y nucleótidos	5	3,8	$5,60 \times 10^{-4}$	$4,30 \times 10^{-2}$
REPRIMIDO	Proceso Biológico	Desarrollo de Estructuras Anatómicas	74	27,3	$2,30 \times 10^{-8}$	$4,00 \times 10^{-5}$
	Proceso Biológico	Desarrollo Sistémico	70	25,8	$2,50 \times 10^{-8}$	$4,30 \times 10^{-5}$
	Proceso Biológico	Desarrollo del Organismo Pluricelular	79	29,2	$8,30 \times 10^{-8}$	$1,40 \times 10^{-4}$
	Proceso Biológico	Proceso de Desarrollo	83	30,6	$2,30 \times 10^{-7}$	$3,90 \times 10^{-4}$
	Proceso Biológico	Desarrollo de Órganos	54	19,9	$7,70 \times 10^{-7}$	$1,30 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Ensamblaje del nucleosoma	10	3,7	$5,90 \times 10^{-6}$	$1,00 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Ensamblaje de la cromatina	10	3,7	$7,90 \times 10^{-6}$	$1,30 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Ensamblaje del complejo ADN-Proteína	10	3,7	$1,20 \times 10^{-5}$	$1,90 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Organización del nucleosoma	10	3,7	$1,40 \times 10^{-5}$	$2,30 \times 10^{-2}$
	Componente Celular	Parte de la Región Extracelular	41	15,1	$8,70 \times 10^{-9}$	$1,20 \times 10^{-5}$
	Componente Celular	Región Extracelular	63	23,2	$5,00 \times 10^{-8}$	$6,70 \times 10^{-5}$
	Componente Celular	Espacio Extracelular	30	11,1	$8,70 \times 10^{-7}$	$1,20 \times 10^{-3}$
	Componente Celular	Nucleosoma	9	3,3	$5,40 \times 10^{-6}$	$7,20 \times 10^{-3}$

Tabla 18: Análisis funcional de los genes inducidos y reprimidos en el fenotipo Epitelioide. Los términos se distribuyen en inducidos: CC: 2, KEGG: 1; reprimidos: BP: 9, CC: 4.

En el fenotipo Epitelioide (Tabla 18), vemos la inducción de genes implicados en componentes de la región extracelular (con dos anotaciones) y en el metabolismo de aminoazúcares y nucleóticos. En los genes reprimidos son destacables los genes relacionados con distintos procesos de desarrollo, presentando las mismas etiquetas que las mostradas en la tabla anterior, añadiendo procesos implicados en el ensamblaje de distintas estructuras nucleares (ensamblaje del nucleosoma, de la cromatina y de complejos ADN-proteína). También encontramos las mismas anotaciones relacionadas con la ontología del componente celular.

Resultados

FENOTIPO NO EPITELIOIDE						
GRUPO	CATEGORIA	TERMINO	Nº GENES	%	p-VALOR	FDR
INDUCIDO	Proceso Biológico	Desarrollo Sistémico	94	27,2	1,80x10 ⁻¹²	3,20x10 ⁻⁹
	Proceso Biológico	Desarrollo de estructuras anatómicas	97	28	1,20x10 ⁻¹¹	2,20x10 ⁻⁸
	Proceso Biológico	Desarrollo del organismo pluricelular	105	30,3	1,80x10 ⁻¹¹	3,10x10 ⁻⁸
	Proceso Biológico	Desarrollo de órganos	75	21,7	4,30x10 ⁻¹¹	7,50x10 ⁻⁸
	Proceso Biológico	Proceso de Desarrollo	110	31,8	8,50x10 ⁻¹¹	1,50x10 ⁻⁷
	Proceso Biológico	Adhesión Celular	41	11,8	1,00x10 ⁻⁹	1,80x10 ⁻⁶
	Proceso Biológico	Adhesión Biológica	41	11,8	1,10x10 ⁻⁹	1,90x10 ⁻⁶
	Proceso Biológico	Regulación de la Localización	37	10,7	3,30x10 ⁻⁹	5,80x10 ⁻⁶
	Proceso Biológico	Regulación del Movimiento Celular	20	5,8	8,10x10 ⁻⁹	1,40x10 ⁻⁵
	Proceso Biológico	Desarrollo de Vasos	22	6,4	1,60x10 ⁻⁸	2,70x10 ⁻⁵
	Proceso Biológico	Desarrollo de Vascularización	22	6,4	2,40x10 ⁻⁸	4,20x10 ⁻⁵
	Proceso Biológico	Respuesta a Estímulos Externos	45	13	2,60x10 ⁻⁸	4,60x10 ⁻⁵
	Proceso Biológico	Regulación de la Migración Celular	18	5,2	3,70x10 ⁻⁸	6,40x10 ⁻⁵
	Proceso Biológico	Morfogénesis de la Estructura Anatómica	52	15	9,10x10 ⁻⁸	1,60x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Regulación de la Respuesta a Estímulos Externos	17	4,9	9,30x10 ⁻⁸	1,60x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Procesos del Organismo Pluricelular	126	36,4	1,10x10 ⁻⁷	2,00x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Migración Celular	13	3,8	1,60x10 ⁻⁷	2,80x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Morfogénesis de los Vasos Sanguíneos	19	5,5	1,80x10 ⁻⁷	3,20x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Movimiento Celular	29	8,4	2,20x10 ⁻⁷	3,80x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Regulación de la Locomoción	18	5,2	2,40x10 ⁻⁷	4,20x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Regulación Positiva del Movimiento Celular	13	3,8	4,70x10 ⁻⁷	8,20x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Locomoción	13	3,8	4,70x10 ⁻⁷	8,20x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Respuesta a Heridas	30	8,7	6,10x10 ⁻⁷	1,10x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Proliferación Celular	26	7,5	6,40x10 ⁻⁷	1,10x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Angiogénesis	15	4,3	1,30x10 ⁻⁶	2,20x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de los Procesos Celulares	66	19,1	1,40x10 ⁻⁶	2,40x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación de la Morfogénesis de la Estructura Anatómica	18	5,2	1,50x10 ⁻⁶	2,70x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Formación de la Estructura Anatómica involucrada en la Morfogénesis	23	6,6	1,80x10 ⁻⁶	3,10x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de los Procesos Biológicos	70	20,2	2,20x10 ⁻⁶	3,80x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Migración Celular	20	5,8	2,20x10 ⁻⁶	3,90x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación de la Angiogénesis	10	2,9	3,50x10 ⁻⁶	6,20x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación de la Proliferación Celular	36	10,4	4,90x10 ⁻⁶	8,50x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Respuesta a Vitaminas	10	2,9	5,30x10 ⁻⁶	9,30x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Cicatrización de la Herida	16	4,6	5,50x10 ⁻⁶	9,60x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Angiogénesis	7	2	8,90x10 ⁻⁶	1,60x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Motilidad Celular	20	5,8	1,00x10 ⁻⁵	1,80x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Localización de Células	20	5,8	1,00x10 ⁻⁵	1,80x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación de la Producción de VEGF	5	1,4	1,70x10 ⁻⁵	3,00x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación positiva de la Adhesión Celular	9	2,6	2,10x10 ⁻⁵	3,70x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Respuesta a Niveles de Oxígeno	13	3,8	2,20x10 ⁻⁵	3,80x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de los Procesos del Organismo Pluricelular	17	4,9	2,60x10 ⁻⁵	4,60x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Comunicación Celular	20	5,8	2,70x10 ⁻⁵	4,80x10 ⁻²

Resultados

FENOTIPO NO EPITELIOIDE						
GRUPO	CATEGORIA	TERMINO	Nº GENES	%	p-VALOR	FDR
INDUCIDO	Componente Celular	Parte de la Región	61	17,6	4,90x10 ⁻¹⁰	6,00x10 ⁻¹³
	Componente Celular	Matriz Extracelular	34	9,8	4,00x10 ⁻¹⁴	5,30x10 ⁻¹¹
	Componente Celular	Matriz Extracelular Proteica	31	9	1,00x10 ⁻¹²	1,40x10 ⁻⁹
	Componente Celular	Región extracelular	83	24	2,70x10 ⁻¹¹	3,60x10 ⁻⁸
	Componente Celular	Espacio Extracelular	40	11,6	1,80x10 ⁻⁹	2,40x10 ⁻⁶
	Componente Celular	Superficie Celular	23	6,6	1,40x10 ⁻⁶	1,80x10 ⁻³
	Función Molecular	Actividad Citoquina	18	5,2	2,30x10 ⁻⁷	3,30x10 ⁻⁴
	Función Molecular	Unión a Colágeno	9	2,6	3,20x10 ⁻⁷	4,70x10 ⁻⁴
	Función Molecular	Unión a Proteína	196	56,6	2,80x10 ⁻⁶	4,10x10 ⁻³
	Función Molecular	Unión a Receptor	39	11,3	2,80x10 ⁻⁶	4,10x10 ⁻³
	Rutas KEGG	Interacción ECM-Receptor	12	3,5	6,50x10 ⁻⁶	7,50x10 ⁻³
	Rutas KEGG	Adhesión Focal	17	4,9	3,60x10 ⁻⁵	4,20x10 ⁻²
REPRIMIDO	Proceso Biológico	Desarrollo del Organismo Pluricelular	188	24,7	2,50x10 ⁻¹⁰	4,50x10 ⁻⁷
	Proceso Biológico	Desarrollo Sistémico	160	21	4,10x10 ⁻¹⁰	7,30x10 ⁻⁷
	Proceso Biológico	Desarrollo de la Estructura Anatómica	170	22,3	4,30x10 ⁻¹⁰	7,70x10 ⁻⁷
	Proceso Biológico	Proceso de Desarrollo	200	26,2	8,20x10 ⁻¹⁰	1,50x10 ⁻⁶
	Proceso Biológico	Desarrollo de Organos	125	16,4	4,80x10 ⁻⁹	8,50x10 ⁻⁶
	Proceso Biológico	Proceso de Organismo Pluricelular	242	31,8	3,00x10 ⁻⁷	5,40x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Desarrollo del Sistema Urogenital	19	2,5	9,70x10 ⁻⁷	1,70x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Desarrollo de Tejido	57	7,5	1,00x10 ⁻⁶	1,90x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Desarrollo de Epitelio	28	3,7	1,60x10 ⁻⁶	2,90x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación de Proceso de Organismo Pluricelular	72	9,4	1,90x10 ⁻⁶	3,30x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Morfogénesis de la Estructura Anatómica	86	11,3	2,40x10 ⁻⁶	4,20x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Desarrollo del Tubo	27	3,5	2,90x10 ⁻⁶	5,20x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Desarrollo del Riñón	17	2,2	3,00x10 ⁻⁶	5,40x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Diferenciación de Células Epiteliales	20	2,6	6,30x10 ⁻⁶	1,10x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Adhesión Celular	56	7,3	1,00x10 ⁻⁵	1,90x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Adhesión Biológica	56	7,3	1,10x10 ⁻⁵	1,90x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Desarrollo de la Metanefrona	11	1,4	1,30x10 ⁻⁵	2,40x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Morfogénesis de una Estructura Ramificada	14	1,8	1,40x10 ⁻⁵	2,50x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Comunicación Celular	61	8	1,40x10 ⁻⁵	2,60x10 ⁻²
	Componente Celular	Región Extracelular	155	20,3	6,20x10 ⁻¹⁴	8,70x10 ⁻¹¹
	Componente Celular	Parte de la Región Extracelular	85	11,2	1,60x10 ⁻¹⁰	2,20x10 ⁻⁷
	Componente Celular	Parte de la Membrana Plasmática	150	19,7	2,20x10 ⁻⁹	3,10x10 ⁻⁶
	Componente Celular	Espacio Extracelular	62	8,1	3,40x10 ⁻⁸	4,80x10 ⁻⁵
	Componente Celular	Integrante de la Membrana Plasmática	86	11,3	1,20x10 ⁻⁶	1,70x10 ⁻³
	Componente Celular	Intrínseco de la Membrana Plasmática	87	11,4	1,70x10 ⁻⁶	2,30x10 ⁻³
	Componente Celular	Membrana	367	48,2	4,00x10 ⁻⁶	5,50x10 ⁻³
	Componente Celular	Unión Celular	45	5,9	9,90x10 ⁻⁶	1,40x10 ⁻²
	Componente Celular	Citoesqueleto de Actina	29	3,8	1,20x10 ⁻⁵	1,60x10 ⁻²
	Componente Celular	Membrana Plasmática	207	27,2	2,60x10 ⁻⁵	3,60x10 ⁻²
	Función Molecular	Actividad del Receptor Scavenger	12	1,6	2,00x10 ⁻⁶	3,10x10 ⁻³

Tabla 19: Análisis funcional de los genes inducidos y reprimidos en el fenotipo No Epitelioide. .
 Los términos se distribuyen en inducidos: BP: 42, CC: 6, MF: 3, KEGG: 2; reprimidos: BP: 19, CC: 10, MF: 1.

En el fenotipo No Epitelioide (Tabla 19), tanto en los genes inducidos como reprimidos encontramos anotaciones de procesos implicados en el desarrollo y la adhesión a distintos niveles. Son destacables los términos o anotaciones relacionados con procesos de angiogénesis y regulación de la vasculatura, la respuesta a heridas, componentes de la ECM o la unión a proteínas o receptores en los genes inducidos, todos ellos descritos en el desarrollo de la MMT. Al contrario que en los casos anteriores, el número de anotaciones en los genes inducidos es mayor que en los reprimidos. Es notable que la ontología de función biológica es la más numerosa, superando ampliamente al resto, ya sea en inducidos (42 anotaciones) o en reprimidos (19 anotaciones).

Observando estos datos en conjunto (Tablas 22-24) se puede constatar que desde etapas tempranas de la MMT (fenotipo Epitelioide) se encuentran reprimidos genes implicados en distintos tipos de desarrollo. En la etapas más tardías (fenotipo No Epitelioide), podemos encontrar que a la vez se inducen genes implicados también en procesos de desarrollo, coexistiendo ambas tendencias. Algo similar ocurre con los fenómenos de adhesión, que se encuentra tanto en los genes inducidos como reprimidos en el fenotipo No Epitelioide. Esto se explica a que durante la MMT cambia el patrón de adhesión molecular, se pierde la capacidad de adhesión a determinadas moléculas que inhiben o reducen su expresión, mientras que se gana en otras que se inducen o se sintetizan *de novo*.

Según vamos avanzando en el proceso de la MMT, vemos cómo va aumentando la variedad de anotaciones funcionales, pues de 16 términos en el fenotipo Epitelioide (3 en inducidos y 13 en reprimidos) pasamos a 81 anotaciones distintas en No Epitelioides (51 en inducidos y 30 en reprimidos), lo que nos muestra el aumento de la complejidad en los estados avanzados de la transición.

Resultados

IN VITRO						
GRUPO	CATEGORIA	TERMINO	Nº GENES	%	p-VALOR	FDR
INDUCIDO	Proceso Biológico	Respuesta a Estímulos Externos	30	22,7	1,70x10 ⁻¹⁰	2,90x10 ⁻⁷
	Proceso Biológico	Respuesta a Heridas	23	17,4	2,90x10 ⁻¹⁰	4,90x10 ⁻⁷
	Proceso Biológico	Regulación Negativa de Procesos Biológicos	41	31,1	1,60x10 ⁻⁹	2,70x10 ⁻⁶
	Proceso Biológico	Regulación Negativa de Procesos Celulares	37	28	2,30x10 ⁻⁸	3,90x10 ⁻⁵
	Proceso Biológico	Cicatrización de la Herida	13	9,8	5,40x10 ⁻⁸	9,00x10 ⁻⁵
	Proceso Biológico	Regulación de la Locomoción	13	9,8	5,70x10 ⁻⁸	9,60x10 ⁻⁵
	Proceso Biológico	Regulación de la Respuesta a Estímulos Externos	12	9,1	7,40x10 ⁻⁸	1,30x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Desarrollo de órganos	37	28	7,60x10 ⁻⁸	1,30x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Regulación de la Migración Celular	12	9,1	1,40x10 ⁻⁷	2,30x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Respuesta a Hipoxia	11	8,3	1,50x10 ⁻⁷	2,50x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Proceso de Desarrollo	52	39,4	1,60x10 ⁻⁷	2,70x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Regulación Negativa de la Apoptosis	16	12,1	2,00x10 ⁻⁷	3,40x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Respuesta a Niveles de Oxígeno	11	8,3	2,40x10 ⁻⁷	4,00x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Regulación Negativa a Muerte Celular Programada	16	12,1	2,40x10 ⁻⁷	4,10x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Regulación Negativa de la Muerte Celular	16	12,1	2,50x10 ⁻⁷	4,20x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Desarrollo de estructuras anatómicas	45	34,1	2,50x10 ⁻⁷	4,30x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Angiogénesis	11	8,3	3,70x10 ⁻⁷	6,30x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Regulación de Procesos del Organismo Pluricelular	25	18,9	4,90x10 ⁻⁷	8,30x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Regulación del Movimiento Celular	12	9,1	5,30x10 ⁻⁷	8,90x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Desarrollo Sistémico	42	31,8	6,20x10 ⁻⁷	1,00x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Desarrollo de Vasos Sanguíneos	13	9,8	8,00x10 ⁻⁷	1,30x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación de Angiogénesis	8	6,1	8,00x10 ⁻⁷	1,30x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Adhesión Celular	21	15,9	9,70x10 ⁻⁷	1,60x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Adhesión Biológica	21	15,9	9,90x10 ⁻⁷	1,70x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Desarrollo de Vasculatura	13	9,8	1,00x10 ⁻⁶	1,70x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Respuesta a Estrés	34	25,8	1,20x10 ⁻⁶	2,00x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Locomoción	9	6,8	1,40x10 ⁻⁶	2,30x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación de la Proliferación Celular	22	16,7	1,50x10 ⁻⁶	2,50x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Angiogénesis	6	4,5	2,00x10 ⁻⁶	3,30x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de los Procesos de Desarrollo	13	9,8	3,00x10 ⁻⁶	5,00x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Desarrollo del organismo pluricelular	46	34,8	3,40x10 ⁻⁶	5,70x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación de la Quimiotaxis	6	4,5	4,90x10 ⁻⁶	8,30x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Regulación de la Apoptosis	21	15,9	8,00x10 ⁻⁶	1,30x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Migración Celular	8	6,1	8,30x10 ⁻⁶	1,40x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación de la Muerte Celular Programada	21	15,9	9,20x10 ⁻⁶	1,60x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Morfogénesis de los Vasos Sanguíneos	11	8,3	9,20x10 ⁻⁶	1,60x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación de la Muerte Celular	21	15,9	9,70x10 ⁻⁶	1,60x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Morfogénesis de la Estructura Anatómica	26	19,7	1,10x10 ⁻⁵	1,80x10 ⁻²

Resultados

IN VITRO						
GRUPO	CATEGORIA	TERMINO	Nº GENES	%	p-VALOR	FDR
INDUCIDO	Proceso Biológico	Regulación de la Morfogénesis de la Estructura Anatómica	11	8,3	1,30x10 ⁻⁵	2,20x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Respuesta Inflamatoria	13	9,8	1,50x10 ⁻⁵	2,50x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación de la Respuesta a Estrés	12	9,1	1,60x10 ⁻⁵	2,60x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Motilidad Celular	8	6,1	1,60x10 ⁻⁵	2,70x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Respuesta a Vitaminas	7	5,3	1,60x10 ⁻⁵	2,80x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Comunicación Celular	13	9,8	1,70x10 ⁻⁵	2,80x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Migración Celular	12	9,1	1,70x10 ⁻⁵	2,80x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación de la Migración Leucocitaria	5	3,8	1,90x10 ⁻⁵	3,20x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Respuesta a Nutrientes	9	6,8	2,00x10 ⁻⁵	3,30x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación de la Respuesta a Estímulos	15	11,4	2,70x10 ⁻⁵	4,60x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Repuesta a Estímulos de Hormonas Esteroideas	10	7,6	2,90x10 ⁻⁵	4,80x10 ⁻²
	Componente Celular	Parte de la Región Extracelular	35	26,5	1,60x10 ⁻¹⁴	2,00x10 ⁻¹¹
	Componente Celular	Región Extracelular	47	35,6	1,10x10 ⁻¹²	1,40x10 ⁻⁹
	Componente Celular	Espacio Extracelular	26	19,7	4,90x10 ⁻¹¹	6,10x10 ⁻⁸
	Componente Celular	Matriz Extracelular	18	13,6	1,00x10 ⁻⁹	1,30x10 ⁻⁶
	Componente Celular	Matriz Extracelular Proteica	16	12,1	2,00x10 ⁻⁸	2,60x10 ⁻⁵
	Componente Celular	Lumen Vesicular unido a Membrana Citoplasmática	7	5,3	9,50x10 ⁻⁷	1,20x10 ⁻³
	Componente Celular	Lumen Vesicular	7	5,3	1,20x10 ⁻⁶	1,60x10 ⁻³
	Componente Celular	Gránulos Alfa de Plaquetas	7	5,3	4,10x10 ⁻⁶	5,10x10 ⁻³
	Componente Celular	Gránulos Alfa de Plaquetas del Lumen	6	4,5	1,40x10 ⁻⁵	1,80x10 ⁻²
	Componente Celular	Parte de la Matriz Extracelular	8	6,1	3,10x10 ⁻⁵	3,90x10 ⁻²
	Función Molecular	Unión a Receptor	26	19,7	1,50x10 ⁻⁸	2,10x10 ⁻⁵
	Función Molecular	Actividad Citoquina	13	9,8	3,80x10 ⁻⁸	5,30x10 ⁻⁵
	Función Molecular	Unión a Glicosaminoglicanos	10	7,6	1,50x10 ⁻⁶	2,00x10 ⁻³
	Función Molecular	Unión a Polisacáridos	10	7,6	3,20x10 ⁻⁶	4,40x10 ⁻³
	Función Molecular	Reconocimiento de Patrones	10	7,6	3,20x10 ⁻⁶	4,40x10 ⁻³
	Función Molecular	Unión a heparina	8	6,1	1,60x10 ⁻⁵	2,20x10 ⁻²
	Rutas KEGG	Interacción ECM-Receptor	9	6,8	7,30x10 ⁻⁶	7,90x10 ⁻³
	Rutas KEGG	Adhesión Focal	12	9,1	2,80x10 ⁻⁵	3,10x10 ⁻²
REPRIMIDO	Proceso Biológico	Fase M	46	17,7	9,10x10 ⁻³⁰	1,50x10 ⁻²⁶
	Proceso Biológico	Fase del Ciclo Celular	50	19,2	1,80x10 ⁻²⁹	3,10x10 ⁻²⁶
	Proceso Biológico	División Nuclear	39	15	5,40x10 ⁻²⁹	9,10x10 ⁻²⁶
	Proceso Biológico	Mitosis	39	15	5,40x10 ⁻²⁹	9,10x10 ⁻²⁶
	Proceso Biológico	Fase M del Ciclo Celular Mitótico	39	15	1,10x10 ⁻²⁸	1,80x10 ⁻²⁵
	Proceso Biológico	Ciclo Celular Mitótico	47	18,1	1,40x10 ⁻²⁸	2,40x10 ⁻²⁵
	Proceso Biológico	Fisión de Organela	39	15	2,50x10 ⁻²⁸	4,30x10 ⁻²⁵
	Proceso Biológico	Ciclo Celular	62	23,8	6,70x10 ⁻²⁷	1,10x10 ⁻²³
	Proceso Biológico	Ciclo Celular	53	20,4	5,40x10 ⁻²⁶	9,20x10 ⁻²³

Resultados

IN VITRO						
GRUPO	CATEGORIA	TERMINO	Nº GENES	%	p-VALOR	FDR
REPRIMIDO	Proceso Biológico	División Celular	36	13,8	4,00x10 ⁻²¹	6,70x10 ⁻¹⁸
	Proceso Biológico	Organización Organelas	59	22,7	2,80x10 ⁻¹³	4,70x10 ⁻¹⁰
	Proceso Biológico	Organización Componente Celular	81	31,2	3,10x10 ⁻¹¹	5,30x10 ⁻⁸
	Proceso Biológico	Organización del Huso	12	4,6	6,90x10 ⁻¹¹	1,20x10 ⁻⁷
	Proceso Biológico	Segregación Cromosómica	14	5,4	3,50x10 ⁻¹⁰	5,90x10 ⁻⁷
	Proceso Biológico	Regulación del Ciclo Celular	25	9,6	4,10x10 ⁻¹⁰	7,00x10 ⁻⁷
	Proceso Biológico	Organización de los Microtúbulos del Citoesqueleto	16	6,2	9,90x10 ⁻⁹	1,70x10 ⁻⁵
	Proceso Biológico	Regulación del Ciclo Celular Mitótico	16	6,2	1,60x10 ⁻⁸	2,60x10 ⁻⁵
	Proceso Biológico	Organización del Huso Mitótico	7	2,7	6,10x10 ⁻⁸	1,00x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Segregación Mitótica de las Cromátidas Hermanas	9	3,5	6,60x10 ⁻⁸	1,10x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Segregación de las Cromátidas Hermanas	9	3,5	8,30x10 ⁻⁸	1,40x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Proceso basado en Microtúbulos	19	7,3	9,40x10 ⁻⁸	1,60x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Punto de Control del Ciclo Celular	12	4,6	1,70x10 ⁻⁷	2,90x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Organización del Citoesqueleto	24	9,2	3,60x10 ⁻⁷	6,10x10 ⁻⁴
	Proceso Biológico	Replicación del ADN	15	5,8	1,70x10 ⁻⁶	2,90x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Proliferación Celular	22	8,5	5,10x10 ⁻⁶	8,60x10 ⁻³
	Proceso Biológico	Señalización mediada por Fosfoinositida	10	3,8	9,40x10 ⁻⁶	1,60x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación del Proceso de Ciclo Celular	11	4,2	1,20x10 ⁻⁵	2,00x10 ⁻²
	Componente Celular	Huso	23	8,8	4,60x10 ⁻¹⁶	6,00x10 ⁻¹³
	Componente Celular	Microtúbulos del Citoesqueleto	35	13,5	2,30x10 ⁻¹²	3,10x10 ⁻⁹
	Componente Celular	Cromosomas condensados en Cinetocoro	12	4,6	8,90x10 ⁻¹⁰	1,20x10 ⁻⁶
	Componente Celular	Cromosoma condensado	16	6,2	1,00x10 ⁻⁹	1,30x10 ⁻⁶
	Componente Celular	Parte del Citoesqueleto	41	15,8	3,30x10 ⁻⁹	4,50x10 ⁻⁶
	Componente Celular	Región Centromérica del Cromosoma condensado	12	4,6	3,80x10 ⁻⁹	5,10x10 ⁻⁶
	Componente Celular	Citoesqueleto	51	19,6	4,10x10 ⁻⁹	5,50x10 ⁻⁶
	Componente Celular	Región Centromérica del Cromosoma	15	5,8	5,40x10 ⁻⁹	7,30x10 ⁻⁶
	Componente Celular	Cinetocoro	12	4,6	2,00x10 ⁻⁸	2,70x10 ⁻⁵
	Componente Celular	Cromosoma	26	10	3,20x10 ⁻⁸	4,30x10 ⁻⁵
	Componente Celular	Parte del Cromosoma	23	8,8	9,80x10 ⁻⁸	1,30x10 ⁻⁴
	Componente Celular	Región Extracelular	59	22,7	6,10x10 ⁻⁷	8,20x10 ⁻⁴
	Componente Celular	Parte de la Región Extracelular	36	13,8	1,10x10 ⁻⁶	1,50x10 ⁻³
	Componente Celular	Organela no delimitada por Membrana	68	26,2	3,60x10 ⁻⁶	4,80x10 ⁻³
	Componente Celular	Organela no delimitada por Membrana Intracelular	68	26,2	3,60x10 ⁻⁶	4,80x10 ⁻³
	Componente Celular	Microtubulos del Huso	7	2,7	3,90x10 ⁻⁶	5,30x10 ⁻³
	Componente Celular	Centro organizador de Microtúbulos	16	6,2	7,10x10 ⁻⁶	9,60x10 ⁻³
	Componente Celular	Polo del Huso	7	2,7	1,00x10 ⁻⁵	1,40x10 ⁻²
	Componente Celular	Centrosoma	14	5,4	3,60x10 ⁻⁵	4,90x10 ⁻²
	Función Molecular	Unión a Proteína	153	58,8	1,20x10 ⁻⁵	1,70x10 ⁻²
	Rutas KEGG	Ciclo Celular	19	7,3	1,80x10 ⁻¹²	2,00x10 ⁻⁹

Tabla 20: Análisis funcional de los genes inducidos y reprimidos en los estudios *in vitro*. Los términos se distribuyen en inducidos: BP: 49, CC: 19, MF: 6, KEGG: 2; reprimidos: BP: 27, CC: 19, MF: 1, KEGG: 1.

En los genes inducidos en los estudios *in vitro*, (Tabla 20) destacan términos relacionados con la regulación, tanto positiva como negativa, de distintos procesos a distintos niveles. Se pueden encontrar muchas anotaciones de regulación y desarrollo de vasos sanguíneos y angiogénesis, de componente de la región extracelular y unión a distintas clases de moléculas, además de ser mayor el número de anotaciones en los genes inducidos, mostrando un claro dominio de la ontología de proceso biológico (49 anotaciones en inducidos y 47 en reprimidos). Es una situación bastante similar a los estudios *ex vivo* vistos previamente (Tablas 22-24). Sin embargo, en los genes reprimidos encontramos un gran número de términos implicados en procesos de mitosis y ciclo celular, así como de componentes o estructuras implicadas en estos procesos. En este caso, parece que cambia la naturaleza de las anotaciones entre los estudios *ex vivo* y los estudios *in vitro*, lo cual concuerda con los resultados obtenidos en los análisis de microarrays en los que teníamos un solapamiento parcial de los genes diferencialmente expresados durante la MMT, pues en el análisis funcional encontramos anotaciones tanto *in vitro* como *ex vivo*, mientras que otras parecen particulares de un modelo experimental concreto.

IN VITRO Y FENOTIPO EPITELIOIDE						
GRUPO	CATEGORIA	TERMINO	Nº GENES	%	p-VALOR	FDR
INDUCIDO						>0,05
REPRIMIDO	Componente Celular	Región Extracelular	23	30,3	$1,80 \times 10^{-5}$	$2,20 \times 10^{-2}$
	Función Molecular	Actividad Endopeptidasa tipo Serina	8	10,5	$3,40 \times 10^{-6}$	$4,40 \times 10^{-3}$
	Función Molecular	Actividad Peptidasa tipo Serina	8	10,5	$8,80 \times 10^{-6}$	$1,10 \times 10^{-2}$
	Función Molecular	Actividad Serina Hidrolasa	8	10,5	$9,40 \times 10^{-6}$	$1,20 \times 10^{-2}$
	Función Molecular	Actividad Peptidasa	12	15,8	$2,20 \times 10^{-5}$	$2,80 \times 10^{-2}$

Tabla 21: Análisis funcional de los genes inducidos y reprimidos en los estudios *in vitro* y en el fenotipo Epitelioide. En los genes inducidos no hay ningún término asociado debido a que aunque tuviesen un valor $p \leq 0,05$, no cumplían con el criterio de tener un $FDR \leq 0,05$; reprimidos: CC: 1, MF: 4.

Resultados

En los genes comúnmente inducidos en los estudios *in vitro* y el fenotipo Epiteliode, ninguna de las anotaciones presentaba un $FDR \leq 0,05$, incluso aunque tuviesen un valor $p \leq 0,05$. En los genes reprimidos encontramos anotaciones para los componentes de región extracelular y las actividades peptidasa y endopeptidasa tipo Serina, o la actividad Serina Hidrolasa (Tabla 21).

IN VITRO Y FENOTIPO NO EPITELIOIDE						
GRUPO	CATEGORIA	TERMINO	Nº GENES	%	p-VALOR	FDR
INDUCIDO	Proceso Biológico	Adhesión Celular	18	23,4	$2,90 \times 10^{-8}$	$4,80 \times 10^{-5}$
	Proceso Biológico	Adhesión Biológica	18	23,4	$3,00 \times 10^{-8}$	$4,90 \times 10^{-5}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Respuesta a Estímulos Externos	10	13	$7,40 \times 10^{-8}$	$1,20 \times 10^{-4}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Migración Celular	10	13	$1,30 \times 10^{-7}$	$2,10 \times 10^{-4}$
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Angiogénesis	6	7,8	$1,50 \times 10^{-7}$	$2,40 \times 10^{-4}$
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Migración Celular	8	10,4	$2,40 \times 10^{-7}$	$4,10 \times 10^{-4}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Locomoción	10	13	$3,70 \times 10^{-7}$	$6,10 \times 10^{-4}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Motilidad Celular	10	13	$3,90 \times 10^{-7}$	$6,40 \times 10^{-4}$
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Locomoción	8	10,4	$4,80 \times 10^{-7}$	$7,90 \times 10^{-4}$
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Motilidad Celular	8	10,4	$4,80 \times 10^{-7}$	$7,90 \times 10^{-4}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Angiogénesis	7	9,1	$6,00 \times 10^{-7}$	$9,90 \times 10^{-4}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Respuesta a Estrés	11	14,3	$8,00 \times 10^{-7}$	$1,30 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Respuesta a Heridas	14	18,2	$1,40 \times 10^{-6}$	$2,40 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Respuesta a Estímulos	13	16,9	$2,30 \times 10^{-6}$	$3,80 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Migración Leucocitaria	5	6,5	$2,40 \times 10^{-6}$	$4,00 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Respuesta a Hipoxia	8	10,4	$3,90 \times 10^{-6}$	$6,50 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Cicatrización de la Herida	9	11,7	$4,00 \times 10^{-6}$	$6,60 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Desarrollo de órganos	24	31,2	$4,30 \times 10^{-6}$	$7,20 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Proliferación Celular	16	20,8	$4,60 \times 10^{-6}$	$7,60 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de la Proliferación Celular	12	15,6	$4,80 \times 10^{-6}$	$7,90 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Respuesta a Niveles de Oxígeno	8	10,4	$5,50 \times 10^{-6}$	$9,10 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Respuesta a Estímulos Externos	17	22,1	$6,20 \times 10^{-6}$	$1,00 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Localización	14	18,2	$6,70 \times 10^{-6}$	$1,10 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Migración Celular	10	13	$7,40 \times 10^{-6}$	$1,20 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Angiogénesis	8	10,4	$7,60 \times 10^{-6}$	$1,30 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de Proceso de Desarrollo	10	13	$7,90 \times 10^{-6}$	$1,30 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Proceso de Desarrollo	33	42,9	$8,00 \times 10^{-6}$	$1,30 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Regulación Negativa de Procesos Biológicos	24	31,2	$8,80 \times 10^{-6}$	$1,50 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Producción de VEGF	4	5,2	$9,20 \times 10^{-6}$	$1,50 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Morfogénesis de la Estructura Anatómica	9	11,7	$1,10 \times 10^{-5}$	$1,80 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Quimiotaxis	5	6,5	$1,50 \times 10^{-5}$	$2,50 \times 10^{-2}$

Resultados

IN VITRO Y FENOTIPO NO EPITELIOIDE						
GRUPO	CATEGORIA	TERMINO	Nº GENES	%	p-VALOR	FDR
INDUCIDO	Proceso Biológico	Movimiento Celular	12	15,6	1,70x10 ⁻⁵	2,90x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Motilidad Celular	10	13	1,70x10 ⁻⁵	2,90x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Localización de Células	10	13	1,70x10 ⁻⁵	2,90x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Desarrollo Sistémico	27	35,1	1,90x10 ⁻⁵	3,10x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de Procesos del Organismo Pluricelular	9	11,7	2,40x10 ⁻⁵	4,00x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación Negativa de Procesos Celulares	22	28,6	2,60x10 ⁻⁵	4,40x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Desarrollo de la Estructura Anatómica	28	36,4	2,70x10 ⁻⁵	4,40x10 ⁻²
	Proceso Biológico	Regulación de la Producción de Citoquinas	8	10,4	2,80x10 ⁻⁵	4,60x10 ⁻²
	Componente Celular	Parte de la Región Extracelular	24	31,2	4,10x10 ⁻¹²	4,90x10 ⁻⁹
	Componente Celular	Región Extracelular	31	40,3	1,30x10 ⁻¹⁰	1,50x10 ⁻⁷
	Componente Celular	Espacio Extracelular	18	23,4	2,80x10 ⁻⁹	3,40x10 ⁻⁶
	Componente Celular	Matriz Extracelular	13	16,9	2,20x10 ⁻⁸	2,60x10 ⁻⁵
	Componente Celular	Matriz Extracelular	11	14,3	9,80x10 ⁻⁷	1,20x10 ⁻³
	Componente Celular	Proteica Superficie Celular	10	13	1,60x10 ⁻⁵	2,00x10 ⁻²
	Componente Celular	Lumen Vesicular unido a Membrana Citoplasmática	5	6,5	3,60x10 ⁻⁵	4,40x10 ⁻²
	Función Molecular	Unión a Receptor	21	27,3	7,50x10 ⁻¹⁰	1,00x10 ⁻⁶
	Función Molecular	Actividad Citoquina	10	13	1,80x10 ⁻⁷	2,40x10 ⁻⁴
	Función Molecular	Unión a Glicosaminoglicanos	8	10,4	2,70x10 ⁻⁶	3,60x10 ⁻³
	Función Molecular	Reconocimiento de Patrones	8	10,4	5,10x10 ⁻⁶	6,80x10 ⁻³
	Función Molecular	Unión a Polisacáridos	8	10,4	5,10x10 ⁻⁶	6,80x10 ⁻³
	Función Molecular	Unión a Integrinas	6	7,8	6,10x10 ⁻⁶	8,00x10 ⁻³
REPRIMIDO	Componente Celular	Región Extracelular	48	33,3	9,70x10 ⁻¹²	1,20x10 ⁻⁸
	Componente Celular	Parte de la Membrana Plasmática	42	29,2	2,60x10 ⁻⁷	3,40x10 ⁻⁴
	Componente Celular	Parte de la Región Extracelular	26	18,1	2,90x10 ⁻⁷	3,60x10 ⁻⁴
	Componente Celular	Intrínseco de la Membrana Plasmática	26	18,1	1,90x10 ⁻⁵	2,50x10 ⁻²
	Componente Celular	Membrana Plasmática	54	37,5	1,90x10 ⁻⁵	2,50x10 ⁻²
	Componente Celular	Integral a la Membrana Plasmática	25	17,4	3,90x10 ⁻⁵	5,00x10 ⁻²
	Función Molecular	Actividad del Receptor Scavenger	7	4,9	1,70x10 ⁻⁶	2,40x10 ⁻³
	Función Molecular	Actividad Endopeptidas a tipo Serina	10	6,9	4,20x10 ⁻⁶	5,80x10 ⁻³
	Función Molecular	Actividad Peptidasa tipo Serina	10	6,9	1,40x10 ⁻⁵	1,90x10 ⁻²
	Función Molecular	Actividad Serina Hidrolasa	10	6,9	1,50x10 ⁻⁵	2,00x10 ⁻²

Tabla 22: Análisis funcional de los genes inducidos y reprimidos en los estudios *in vitro* y el fenotipo No Epitelioide. Los términos se distribuyen en inducidos: BP: 39, CC: 7, MF: 6; reprimidos: CC: 6, MF: 4.

En los genes comunes entre los estudios *in vitro* y fenotipo No Epitelioide, en los genes inducidos, y coincidiendo con otras situaciones ya expuestas, abundan las anotaciones implicadas en distintos tipos de adhesión a componentes de la región y de la ECM extracelular, así como uniones a moléculas de distinta naturaleza, pero sobre todo destacan los términos de regulación de muy variados procesos y a distintos niveles celulares. En los genes reprimidos son representativas las anotaciones de componentes de la membrana plasmática y distintas actividades peptidasa (Tabla 22). Una vez más, el número de anotaciones es mucho mayor en los genes inducidos que en los reprimidos, siendo la ontología de proceso biológico la mayoritaria (30 en inducidos y 6 en reprimidos).

IN VITRO Y FENOTIPOS NO EPITELIOIDE Y EPITELIOIDE						
GRUPO	CATEGORIA	TERMINO	Nº GENES	%	p-VALOR	FDR
INDUCIDO						>0,05
REPRIMIDO	Componente Celular	Región Extracelular	23	31,9	$6,10 \times 10^{-6}$	$7,30 \times 10^{-3}$
	Función Molecular	Actividad Endopeptidasa tipo Serina	8	11,1	$2,40 \times 10^{-6}$	$3,10 \times 10^{-3}$
	Función Molecular	Actividad Peptidasa tipo Serina	8	11,1	$6,30 \times 10^{-6}$	$8,10 \times 10^{-3}$
	Función Molecular	Actividad Serina Hidrolasa	8	11,1	$6,80 \times 10^{-6}$	$8,70 \times 10^{-3}$
	Función Molecular	Actividad Peptidasa	12	16,7	$1,30 \times 10^{-5}$	$1,70 \times 10^{-2}$

Tabla 23: Análisis funcional de los genes inducidos y reprimidos en los estudios *in vitro* y en los fenotipos No Epitelioide y Epitelioide. En los genes inducidos no hay ningún término asociado debido a que aunque tuviesen un valor $p \leq 0,05$, no cumplían con el criterio de tener un $FDR \leq 0,05$; reprimidos: CC: 1, MF: 4.

Cuando analizamos el caso de los genes que se encuentran comúnmente inducidos tanto en los estudios *in vitro* como en los fenotipos

Resultados

Epitelioide y No Epitelioide, ninguna de las anotaciones presentaba un $FDR \leq 0,05$, aunque presentase un valor $p \leq 0,05$, por lo que no se presentó una asociación con dichos términos. En los genes reprimidos sólo encontramos cinco anotaciones: región extracelular, actividad endopeptidasa tipo Serina, actividad peptidasa tipo Serina, actividad Serina Hidrolasa y actividad peptidasa (Tabla 23).

NO EPITELIOIDE vs. EPITELIOIDE						
GRUPO	CATEGORIA	TERMINO	Nº GENES	%	p-VALOR	FDR
INDUCIDO	Proceso Biológico	Adhesión Celular	22	17,1	$5,20 \times 10^{-8}$	$8,70 \times 10^{-5}$
	Proceso Biológico	Adhesión Biológica	22	17,1	$5,40 \times 10^{-8}$	$8,90 \times 10^{-5}$
	Proceso Biológico	Desarrollo de órganos	33	25,6	$1,00 \times 10^{-6}$	$1,70 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Desarrollo Sistémico	39	30,2	$1,40 \times 10^{-6}$	$2,30 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Desarrollo del organismo pluricelular	43	33,3	$5,00 \times 10^{-6}$	$8,30 \times 10^{-3}$
	Proceso Biológico	Morfogénesis de la Estructura Anatómica	25	19,4	$7,90 \times 10^{-6}$	$1,30 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Organización de los Componentes Celulares	15	11,6	$9,10 \times 10^{-6}$	$1,50 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Regulación de la Adhesión Celular	9	7	$9,30 \times 10^{-6}$	$1,60 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Desarrollo de la Estructura Anatómica	39	30,2	$1,00 \times 10^{-5}$	$1,70 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Proceso de Desarrollo	44	34,1	$2,30 \times 10^{-5}$	$3,80 \times 10^{-2}$
	Proceso Biológico	Regulación Positiva de Procesos Biológicos	33	25,6	$2,80 \times 10^{-5}$	$4,70 \times 10^{-2}$
	Componente Celular	Matriz Extracelular	19	14,7	$6,90 \times 10^{-11}$	$8,60 \times 10^{-8}$
	Componente Celular	Parte de la Región Extracelular	29	22,5	$2,20 \times 10^{-10}$	$2,80 \times 10^{-7}$
	Componente Celular	Región Extracelular	40	31	$4,90 \times 10^{-9}$	$6,20 \times 10^{-6}$
	Componente Celular	Matriz Extracelular	16	12,4	$1,30 \times 10^{-8}$	$1,60 \times 10^{-5}$
	Función Molecular	Unión a Proteína	85	65,9	$1,60 \times 10^{-6}$	$2,20 \times 10^{-3}$
	Función Molecular	Unión a Complejos Proteicos	10	7,8	$1,40 \times 10^{-5}$	$1,90 \times 10^{-2}$
	Rutas KEGG	Interacción ECM-Receptor	8	6,2	$1,50 \times 10^{-5}$	$1,60 \times 10^{-2}$
	Rutas KEGG	Adhesión Focal	11	8,5	$1,90 \times 10^{-5}$	$2,00 \times 10^{-2}$
REPRIMIDO	Componente Celular	Región Extracelular	53	23,2	$1,50 \times 10^{-7}$	$1,90 \times 10^{-4}$
	Componente Celular	Intrínseco de la Membrana Plasmática	35	15,4	$6,50 \times 10^{-6}$	$8,50 \times 10^{-3}$
	Componente Celular	Integral a la Membrana Plasmática	34	14,9	$1,10 \times 10^{-5}$	$1,40 \times 10^{-2}$
	Componente Celular	Parte de la Membrana Plasmática	50	21,9	$2,70 \times 10^{-5}$	$3,60 \times 10^{-2}$

Tabla 24: Análisis funcional de los genes inducidos y reprimidos en el fenotipo No Epitelioide respecto al fenotipo Epitelioide. Los términos se distribuyen en inducidos: BP: 11, CC: 4, MF: 2, KEGG: 2; reprimidos: CC: 4.

Por último, cuando comparamos el fenotipo No Epitelioide respecto al fenotipo Epitelioide (Tabla 24), en los genes inducidos destacan los procesos de adhesión, desarrollo y regulación a muy variados niveles, los componentes de la ECM y la unión a proteínas o receptores, mientras que en los genes reprimidos encontramos únicamente cuatro anotaciones: región extracelular, intrínseco a la membrana plasmática, integral a la membrana plasmática y parte de la membrana plasmática. También en este análisis, el número de anotaciones fue mayor en los genes inducidos que en los reprimidos.

4. RESULTADOS DE LOS ESTUDIOS REALIZADOS MEDIANTE EL ANÁLISIS DEL ARNm

A partir de los 45 genes validados mediante qPCR (Tablas 15 y 16), se seleccionaron 17 genes (Figura 16) sobre los que se realizó qPCR en 51 muestras de ARNm obtenidos de los lisados de células mesoteliales aisladas a partir de los efluentes de pacientes en diálisis peritoneal.

Cuando se agruparon los valores obtenidos mediante qPCR de los genes de acuerdo al fenotipo No Epitelioide y Epitelioide y se compararon las medias de cada uno de estos grupos (Figura 16A), se pudo comprobar que *CD44*, *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *MMP1*, *TFPI2* y *THBS1* presentan una diferencia estadísticamente significativa entre ambos fenotipos, siendo en todos estos casos la media mayor en el grupo No Epitelioide al compararlo con el grupo Epitelioide, lo cual coincide con los resultados obtenidos mediante estudios de microarrays, en la que todos estos genes se encontraban inducidos. Resulta conveniente destacar el caso del *VEGFA* el cual, aunque no sea estadísticamente significativo ($p=0,088$) parece mostrar una tendencia a la significancia, además de presentar una mayor inducción en el grupo No Epitelioide (1,84 en Epitelioide frente a 3,32 en No Epitelioide) y de estar inducido en los microarrays.

Resultados

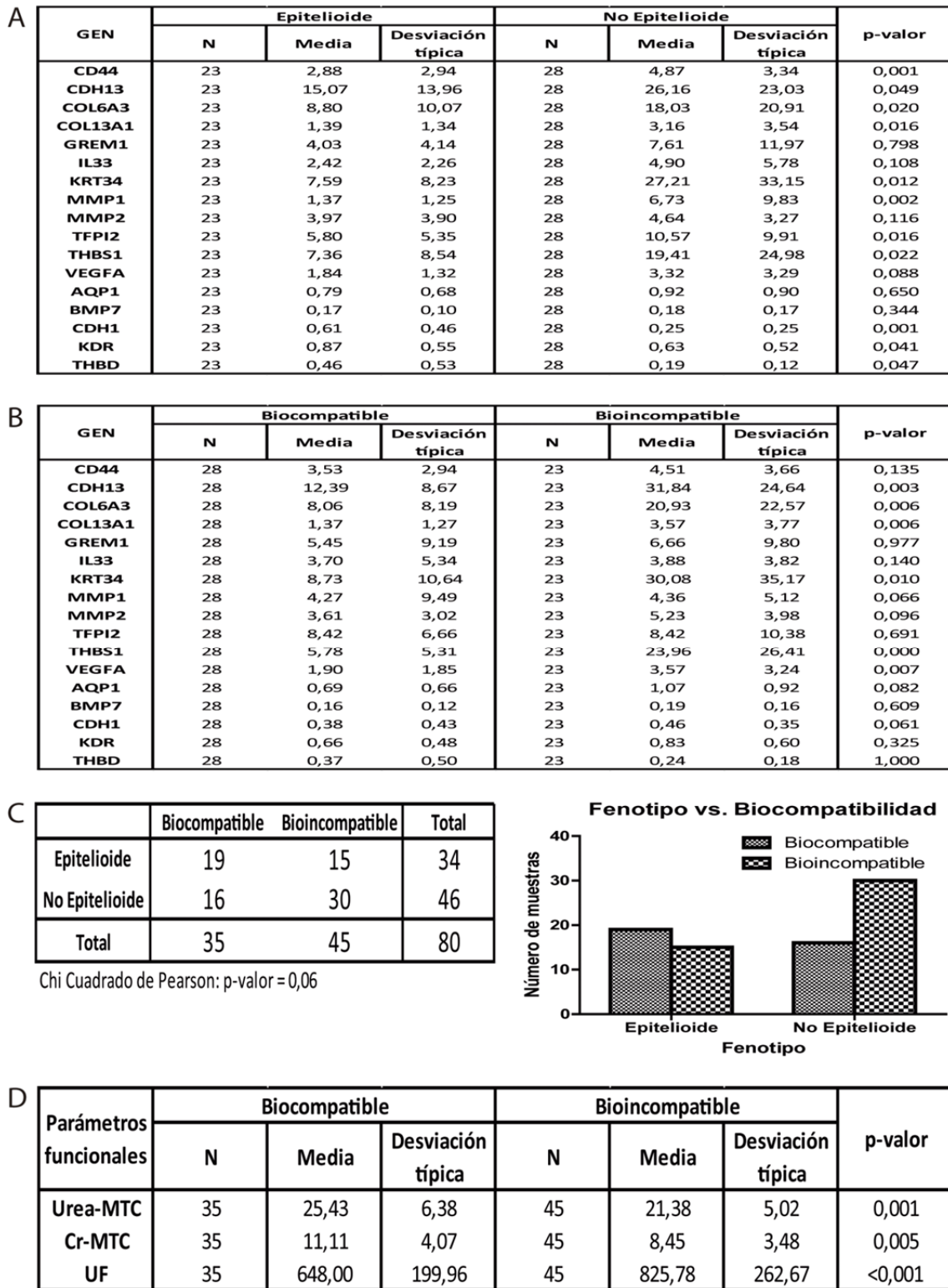


Figura 16: Agrupamiento de genes. A: Fenotipo en función del Índice Elíptico; B: Biocompatibilidad de los Líquidos de Diálisis Peritoneal; C: Tabla de Contingencia y gráfico entre Fenotipo y Bioincompatibilidad. D: Datos funcionales de los pacientes en función de la Biocompatibilidad del Líquido. Urea-MTC: Coeficiente de Transferencia de Masa de Urea; Cr-MTC: Coeficiente de Transferencia de Masa de Creatinina; UF: Ultrafiltración. Test estadísticos: Mann-Whitney (A, B y D); Chi-Cuadrado de Pearson (C).

Por otro lado, podemos observar en estos mismos datos que los genes *CDH1*, *KDR* y *THBD*, los cuales se encuentran reprimidos en los análisis de microarrays, al realizar este agrupamiento por fenotipo, también están reprimidos de una forma estadísticamente significativa, siendo esta represión mayor en el grupo de los No Epitelioides.

Finalmente, estos trabajos nos muestran que los genes *GREM1*, *IL33* y *MMP2*, que están inducidos en los estudios de microarrays; y los genes *APQ1* y *BMP7*, que se encuentran reprimidos, no muestran diferencia significativa entre los fenotipos estudiados en este caso.

Reuniendo estos resultados, obtenemos un grupo de genes que nos diferencia bien entre dos fenotipos celulares distintos, el Epiteloide y el No Epiteloide, siendo su inducción o represión mayor en este último grupo. Los genes aquí estudiados muestran una menor cantidad de ARNm en etapas tempranas de la MMT, aumentando según progresamos hacia estados más avanzados, excepto *CDH1*, *KDR*, y *THBD*, que al ser genes que se reprimen durante la transición, presentan mayor cantidad de ARNm en las etapas iniciales. Un caso curioso de dos genes que también se reprimen son: *APQ1*, que está ligeramente aumentado en No Epitelioides y *BMP7*, que se encuentra prácticamente igual en ambos fenotipos.

Cuando clasificamos estos mismos genes según el carácter del líquido de diálisis en Bioincompatibles y Biocompatibles (Figura 16B), vemos como hay una diferencia estadísticamente significativa en la expresión de *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *THBS1* y *VEGFA*, siendo mayor la media en el grupo de los Bioincompatibles. Podemos observar una tendencia a la significancia en el caso de *AQP1* ($p=0,082$), *CDH1* ($p=0,061$) y *MMP1* ($p=0,066$), aunque en éste último caso la media es prácticamente la misma (4,36 en el caso de los Bioincompatibles y 4,27 en los Biocompatibles). Incluso en *AQP1* y *CDH1*, que son genes que se reprimen durante la MMT (por los datos anteriormente expuestos), la media en los líquidos Bioincompatibles es mayor respecto a los líquidos Biocompatibles.

Los genes *CD44*, *GREM1*, *IL33*, *MMP2* y *TFPI2* (genes inducidos en los estudios de microarrays), y los genes *BMP7*, *KDR* y *THBD* (genes reprimidos)

no mostraron diferencia estadística significativa cuando se comparaba la biocompatibilidad del líquido de diálisis.

Estos resultados parecen indicar que los líquidos Bioincompatibles tienen un mayor efecto inductor de la MMT que los líquidos Biocompatibles.

Considerando la buena clasificación que se obtenía con ciertos marcadores, se realizó un test de Chi cuadrado de Pearson entre el fenotipo de la célula mesotelial y la biocompatibilidad de los líquidos de diálisis (Figura 16C). El resultado del test indica una clara tendencia hacia la significancia ($p=0,060$), mostrando como aproximadamente el doble de las muestras No Epitelioides se clasificaban también en la categoría de líquido Bioincompatible, mientras que había un mayor número de muestras Epitelioides en los líquidos Biocompatibles. Estos resultados concuerdan con estudios previos y trabajos publicados por distintos investigadores.

Al realizarse los análisis de los parámetros funcionales de la membrana peritoneal en relación a la Biocompatibilidad de los líquidos de diálisis (Figura 16D), se obtuvo que existe una diferencia significativa entre los MTC, tanto el de urea como el de creatinina, y la Ultrafiltración, entre los líquidos Biocompatibles y los Bioincompatibles. Sin embargo, cuando se compararon las medias de los grupos definidos por los dos tipos de líquidos, se obtuvo que ambos MTCs fueron mayores en el grupo de los Biocompatibles, mientras que la Ultrafiltración fue superior en el grupo de los Bioincompatibles. Estos resultados son opuestos a lo esperado, pues al usar un líquido Biocompatible, cabría esperar una mejor preservación de la membrana peritoneal, lo que implicaría una mayor Ultrafiltración y una menor tasa de transporte si lo comparásemos con una membrana que ha sido tratada con líquido Bioincompatible.

A continuación se realizaron las correlaciones entre los ARNm de los genes seleccionados y los distintos parámetros indicativos de la función de la membrana peritoneal, obteniéndose los siguientes resultados (Tabla 25):

Resultados

	urea-MTC			Cr-MTC			UF		
	N	R	p-valor	N	R	p-valor	N	R	p-valor
CD44	51	-0,198	0,164	51	-0,114	0,427	51	-0,026	0,856
CDH13	51	-0,217	0,126	51	-0,151	0,292	51	0,466	0,001
COL6A3	51	-0,230	0,104	51	-0,177	0,214	51	0,286	0,042
COL13A1	51	-0,222	0,117	51	-0,058	0,687	51	0,353	0,011
GREM1	51	-0,131	0,358	51	-0,226	0,111	51	0,336	0,016
IL33	51	-0,285	0,042	51	-0,183	0,199	51	0,005	0,974
KRT34	51	-0,212	0,136	51	-0,132	0,355	51	0,169	0,237
MMP1	51	0,348	0,012	51	0,300	0,032	51	0,322	0,021
MMP2	51	-0,106	0,461	51	-0,003	0,981	51	0,192	0,178
TFPI2	51	-0,027	0,850	51	-0,070	0,625	51	-0,003	0,985
THBS1	51	-0,245	0,084	51	-0,122	0,393	51	0,406	0,003
VEGFA	51	-0,278	0,048	51	-0,310	0,027	51	0,194	0,173
AQP1	51	0,124	0,387	51	-0,042	0,769	51	0,223	0,116
BMP7	51	-0,006	0,969	51	0,025	0,863	51	-0,103	0,472
CDH1	51	0,022	0,876	51	0,059	0,681	51	-0,178	0,212
KDR	51	0,097	0,497	51	-0,079	0,582	51	0,039	0,784
THBD	51	0,043	0,763	51	-0,048	0,737	51	-0,129	0,367

Tabla 25: Correlaciones entre los ARNm de los genes analizados y los parámetros funcionales de la membrana peritoneal. Urea-MTC: Coeficiente de Transferencia de Masa de Urea; Cr-MTC: Coeficiente de Transferencia de Masa de Creatinina; UF: Ultrafiltración. Test estadístico: Correlación de Pearson.

El MTC de urea correlaciona significativamente con los ARNm de *IL33* y *VEGFA* en sentido negativo y *MMP1* en sentido positivo (ver el coeficiente de correlación R en la Tabla 25). En el caso de *THBS1* tenemos un resultado muy próximo a la significancia (valor $p=0,084$), mientras que en otros ARNm, como *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1* y *KRT34*, el valor p se encuentra en valores cercanos a 0,1, indicando una cierta tendencia a la significancia, siendo todas ellas correlaciones negativas o inversas respecto el MTC de urea.

En las correlaciones efectuadas con el MTC de creatinina, obtenemos unos resultados significativos con el ARNm de *MMP1* (en sentido positivo) y *VEGFA* (en sentido negativo). De forma similar a la comentada en el párrafo anterior, tenemos el caso de *GREM1* que, correlacionando en sentido inverso, no alcanza un valor significativo (valor $p=0,111$) pero sí indicaría una tendencia a serlo.

Considerando ambos MTCs, es conveniente señalar que el *MMP1* y el *VEGFA* correlacionan significativamente en ambos casos. *MMP1* es el único que presenta una correlación positiva con ambos parámetros funcionales, mientras que el resto de genes ya sean significativos o que presentan una tendencia hacia la significancia, presentan correlaciones negativas. Así mismo, todos estos genes están inducidos en los estudios de expresión génica diferencial mediante microarrays, no correlacionando ninguno de los genes reprimidos seleccionados (*AQP1* es el que presenta el valor p más pequeño, siendo este de 0,387).

Por último, en el caso de la Ultrafiltración, los ARNm de *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *GREM1*, *MMP1* y *THBS1* correlacionan significativamente con la Ultrafiltración, mientras que los ARNm de *AQP1* y *VEGFA* sin ser significativos, sí que parecen indicar una tendencia (valor p de 0,116 y 0,173, respectivamente). Todas estas correlaciones lo hacen en un sentido positivo, siendo genes que se encuentran inducidos en los estudios de microarrays, con la excepción de *AQP1*, que está reprimido.

El siguiente paso que se realizó fue analizar las posibles correlaciones entre los distintos ARNm, comparándolos uno a uno, así como entre los ARNm y el Índice Elíptico.

En la Tabla 26A se puede comprobar que muchos de los genes seleccionados tienen distintas correlaciones entre sí, apoyando nuestra hipótesis de que están implicados en la MMT de las células mesoteliales. Como sería de esperar, cuando correlacionamos dos genes que se encuentran inducidos en los estudios de microarrays (*CD44*, *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *GREM1*, *IL33*, *KRT34*, *MMP1*, *MMP2*, *TFPI2*, *THBS1* y *VEGFA*) o dos genes reprimidos (*AQP1*, *BMP7*, *CDH1*, *KDR* y *THBD*) obtenemos que estas correlaciones lo hacen en un sentido positivo o directo, mientras que si uno de los genes está inducido y el otro reprimido, el sentido es negativo o inverso.

Resultados

A	GENES		R	p-valor	GENES		R	p-valor
	AQP1	BMP7	0,527	0,000	COL13A1	GREM1	0,273	0,053
	AQP1	CD44	-0,248	0,080	COL13A1	KDR	-0,260	0,065
	AQP1	KDR	0,610	0,000	COL13A1	KRT34	0,587	0,000
	AQP1	TFPI2	-0,326	0,020	COL13A1	MMP2	0,687	0,000
	BMP7	CDH1	0,293	0,037	COL13A1	THBD	-0,300	0,032
	BMP7	COL6A3	-0,296	0,035	COL13A1	THBS1	0,908	0,000
	BMP7	KDR	0,468	0,001	COL13A1	VEGFA	0,338	0,015
	CD44	CDH1	-0,393	0,004	GREM1	KRT34	0,305	0,029
	CD44	CDH13	0,251	0,076	GREM1	MMP2	0,253	0,073
	CD44	COL6A3	0,423	0,002	GREM1	THBS1	0,352	0,011
	CD44	COL13A1	0,289	0,039	GREM1	VEGFA	0,281	0,046
	CD44	IL33	0,475	0,000	IL33	KDR	-0,395	0,004
	CD44	KDR	-0,349	0,012	IL33	MMP1	0,278	0,048
	CD44	MMP1	0,308	0,028	IL33	TFPI2	0,598	0,000
	CD44	TFPI2	0,605	0,000	IL33	THBD	-0,297	0,034
	CD44	THBD	-0,244	0,085	IL33	VEGFA	0,548	0,000
	CD44	VEGFA	0,495	0,000	KDR	MMP2	-0,273	0,053
	CDH1	KDR	0,448	0,001	KDR	TFPI2	-0,437	0,001
	CDH1	MMP1	-0,272	0,053	KDR	THBD	0,540	0,000
	CDH1	TFPI2	-0,295	0,035	KDR	VEGFA	-0,342	0,014
	CDH1	THBD	0,367	0,008	KRT34	MMP2	0,397	0,004
	CDH13	COL6A3	0,842	0,000	KRT34	THBS1	0,542	0,000
	CDH13	COL13A1	0,832	0,000	KRT34	VEGFA	0,563	0,000
	CDH13	KDR	-0,247	0,081	MMP1	TFPI2	0,424	0,002
	CDH13	KRT34	0,572	0,000	MMP2	TFPI2	0,277	0,049
	CDH13	MMP2	0,562	0,000	MMP2	THBD	-0,332	0,017
	CDH13	THBD	-0,319	0,022	MMP2	THBS1	0,638	0,000
	CDH13	THBS1	0,766	0,000	MMP2	VEGFA	0,263	0,062
	CDH13	VEGFA	0,332	0,017	TFPI2	THBD	-0,284	0,043
	COL6A3	COL13A1	0,882	0,000	TFPI2	VEGFA	0,565	0,000
	COL6A3	KDR	-0,298	0,034	THBD	THBS1	-0,269	0,057
	COL6A3	KRT34	0,515	0,000	THBD	VEGFA	-0,281	0,046
	COL6A3	MMP2	0,608	0,000	THBS1	VEGFA	0,236	0,095
	COL6A3	THBD	-0,312	0,026				
	COL6A3	THBS1	0,782	0,000				
	COL6A3	VEGFA	0,462	0,001				

B	ÍNDICE ELÍPTICO		
	GEN	R	p-valor
	CD44	0,313	0,026
	CDH13	0,467	0,001
	COL6A3	0,442	0,001
	COL13A1	0,556	0,000
	GREM1	0,437	0,001
	IL33	0,205	0,149
	KRT34	0,337	0,016
	MMP1	0,268	0,057
	MMP2	0,273	0,053
	TFPI2	0,330	0,018
	THBS1	0,610	0,000
	VEGFA	0,423	0,002
	AQP1	0,059	0,680
	BMP7	-0,134	0,350
	CDH1	-0,189	0,184
	KDR	-0,213	0,133
	THBD	-0,185	0,193

Tabla 26: A: Correlaciones significativas, o próximas a la significancia, entre distintos pares de ARNm. B: Correlaciones entre los ARNm y el Índice Elíptico. N=51 en ambas tablas. Test estadístico: Correlación de Pearson.

Viendo estos resultados algo más en profundidad, se puede identificar un subgrupo de genes que siempre correlacionan todos ellos entre sí, de forma significativa o indicando una clara tendencia hacia la significancia. Estos genes son *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *MMP2*, *THBS1* y *VEGFA*, todos ellos inducidos en los análisis mediante microarrays. El que parezca que estos genes se expresen juntos, induciéndose o reprimiéndose en bloque, puede ser indicativo de su importancia en el proceso de la MMT y su posible uso como biomarcadores en el contexto de la diálisis peritoneal. Los genes *KDR* y *THBD*, ambos reprimidos durante la MMT de las células mesoteliales en los estudios de microarrays, aunque no con todos, sí que correlacionan de forma inversa, con la mayoría de los genes del subgrupo anteriormente definido.

Cuando correlacionamos los ARNm de los genes con el Índice Elíptico (Tabla 26B), nueve presentan una correlación significativa (*CD44*, *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *GREM1*, *KRT34*, *TFPI2*, *THBS1* y *VEGFA*) y dos se aproximan tanto que se pueden considerar significativos (*MMP1*, valor $p=0,057$; *MMP2*, valor $p=0,053$). Es conveniente destacar que todos estos genes están inducidos en los estudios de microarrays. De los cinco genes restantes (*IL33*, *AQP1*, *BMP7*, *CDH1*, *KDR* y *TBHD*), que no muestran una correlación significativa con el Índice Elíptico, sólo *IL33* estaba inducido en los microarrays, mientras que los otros cuatro se encontraban reprimidos. De estos últimos, *AQP1* es el único que no muestra una correlación inversa con el Índice Elíptico.

Dado que *GREM1* fue el gen más inducido en los microarrays, se procedió a realizar un experimento de silenciamiento para intentar determinar su importancia durante el desarrollo de la MMT (Figura 17).

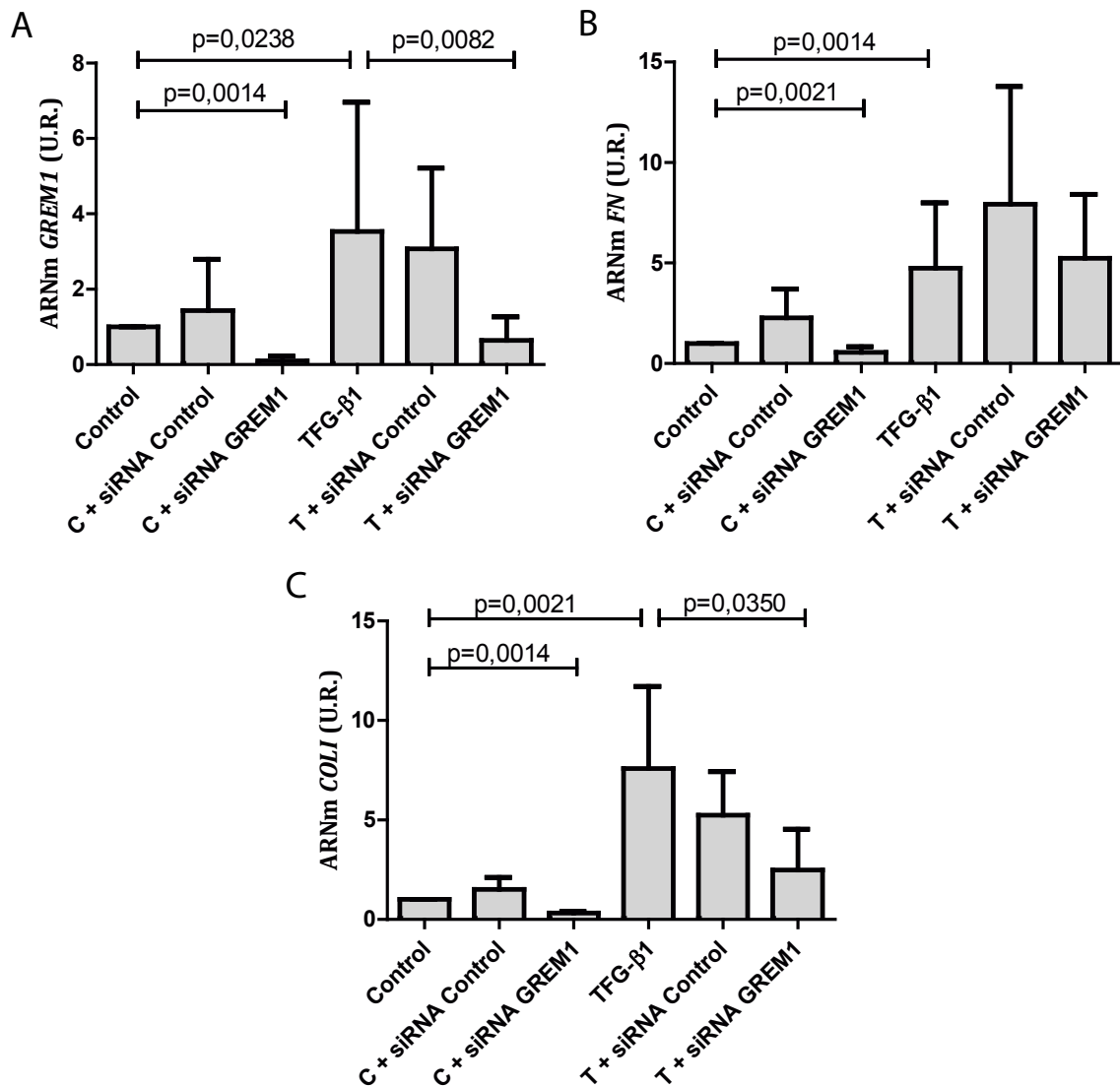


Figura 17: Silenciamiento de *GREM1* en HPMCs. A: ARNm de *GREM1*. B: ARNm de *FN*. C: ARNm de *COL1*. Control: células HPMCs control; C+siRNA Control: células control con siRNA Control; C+siRNA *GREM1*: células control con siRNA de *GREM1*; TGF-β1: HPMCs tratadas con 4ng/ml de TGF-β1; T+siRNA Control: HPMCs tratadas con 4ng/ml de TGF-β1 con siRNA Control; T+siRNA *GREM1*: HPMCs tratadas con 4ng/ml de TGF-β1 con siRNA para *GREM1*. U.R.: Unidades Relativas.

Como podemos comprobar, existe una diferencia significativa entre el control y las HPMCs tratadas con el siRNA de *GREM1* y entre los grupos de TGF-β1 y las HPMCs tratadas con TGF-β1 y el siRNA de *GREM1* (Figura 17A). Esto nos muestra que el silenciamiento ha sido adecuado, pues tenemos una menor expresión de *GREM1* en los grupos transfectados respecto a los que no.

También se puede apreciar una diferencia significativa entre el grupo control y el grupo TGF- β 1.

Por otra parte, al evaluar *FN* y *COL1*, se puede apreciar un descenso significativo en la expresión de ambos genes (que suelen estar inducidos durante la MMT) al silenciar *GREM1*. Al tratar con TGF- β 1 observamos un aumento significativo del ARNm de ambos genes, no observándose diferencias significativas entre el control y el siRNA control. Así, podemos concluir que la diferencia en la expresión es debida al silenciamiento de *GREM1* (Figuras 17 B y C).

5. RESULTADOS DE LOS ESTUDIOS REALIZADOS MEDIANTE EL ANÁLISIS DE PROTEÍNAS

Con el objetivo de ampliar los estudios realizados hasta el momento, se procedió a cuantificar una serie de proteínas seleccionadas a partir de la expresión de sus respectivos ARNm, obtenida en los trabajos previamente expuestos. Estas proteínas fueron Trombospondina 1 (TSP1), Factor de crecimiento endotelial vascular (VEGF), Metaloproteinasa de matriz 1 (MMP1), Metaloproteinasa de matriz 2 (MMP2), Cadherina 13 (CDH13), Colágeno 13 (COL13) y Gremlin 1 (GREM1). Las determinaciones se realizaron mediante ELISA en muestras obtenidas de pacientes de Plasma, Sobrenadante de cultivos celulares y Efluentes peritoneales. Los ARNm de todas estas proteínas se encontraron inducidos en los estudios de microarrays y en la validación mediante qPCR. Es más, estas proteínas son potencialmente secretables, lo que facilitaría su estudio y detección en los servicios clínicos. Es importante destacar que tanto CDH13 como COL13 presentan dos formas distintas, tanto liberadas en el medio extracelular como unidas a la membrana citoplasmática. CDH13, también conocida como T-CDH (*Truncated-cadherin*) y H-CDH (*Heart-cadherin*) puede encontrarse anclada a la membrana vía Glicosilfosfatidilinositol (GPI) en su extremo carboxiterminal¹¹¹. COL13 es una proteína transmembrana tipo II que es liberada al medio mediante una furin-proteasa¹¹².

En primer lugar, se comparó la concentración de estas proteínas en Plasma y Sobrenadante, según el fenotipo Epiteliode y No Epiteliode. Cuando se analizaron las muestras de Plasma, únicamente MMP1 mostró una diferencia significativa entre ambos grupos (Figura 18A), presentando el grupo Epiteliode una media de $4,638 \pm 3,176$ ng/ml, frente a la media del grupo No Epiteliode de $7,001 \pm 5,330$ ng/ml. Como era de esperar, dado que MMP1 se induce durante la MMT (como hemos visto en los resultados anteriormente expuestos), la cantidad de proteína obtenida es mayor en el grupo No Epiteliode, lo que podría indicar un estado más avanzado de MMT.

Se determinó la cantidad de proteína en sobrenadantes de cultivos de células mesoteliales obtenidas a partir de los efluentes y se pudo observar que, de forma análoga que el MMP1 en Plasma, hubo más cantidad de proteína en el grupo de No Epiteliodes que en de Epiteliodes, siendo la diferencia significativa en todos los casos estudiados. La cuantificación de las distintas proteínas obtenidas fue en TSP1 Epiteliode 1182 ± 2798 ng/mg y en No Epiteliode 8304 ± 17729 ng/mg; en VEGF Epiteliode 13718 ± 22066 ng/mg y en No Epiteliode 33043 ± 45295 ng/mg; en MMP2 Epiteliode $417,8 \pm 244,4$ ng/mg y en No Epiteliode $769 \pm 810,7$ ng/mg; en CDH13 Epiteliode $15,67 \pm 10,57$ ng/mg y en No Epiteliode $27,00 \pm 25,67$ ng/mg; y por último, en GREM1 Epiteliode $44,17 \pm 21,53$ ng/mg y en No Epiteliode $75,01 \pm 45,17$ ng/mg (Figura 18B-F).

Una vez más, estos resultados concuerdan con lo esperado, mostrando que tanto a nivel de proteína como de ARNm, estos posibles marcadores se encuentran más inducidos en las células mesoteliales que expresan un fenotipo No Epiteliode respecto a aquellas cuyo fenotipo es Epiteliode, lo cual significaría que la expresión de estos marcadores aumenta a medida que avanzamos durante el proceso de MMT.

Dado que el efluente es la muestra más lógica de elección para realizar análisis en los servicios clínicos, con el fin de determinar la inducción o represión de estos marcadores, se midió la concentración de TSP1 y VEGF en los efluentes de una cohorte de los mismos pacientes que ya se habían seleccionado para realizar todos estos estudios.

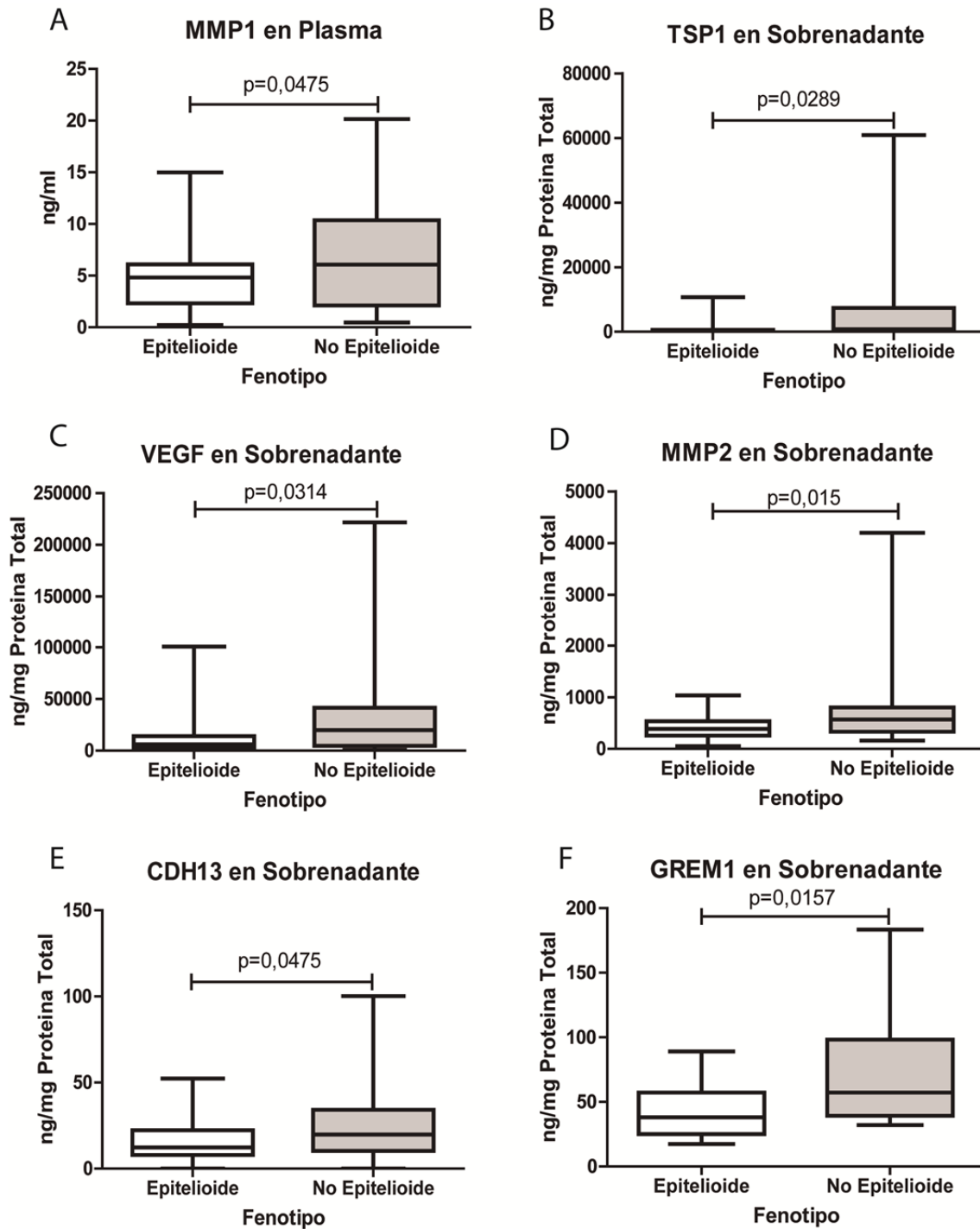


Figura 18: Cuantificación de proteínas que muestran diferencias significativas según el fenotipo Epiteloide y No Epiteloide. A: La concentración de MMP1 en Plasma en el grupo No Epiteloide (N=48) es mayor que en el grupo Epiteloide (N=30). Lo mismo encontramos al medir la cantidad de proteína en el Sobrenadante, B: TSP1, Epiteloide (N=14) y No Epiteloide (N=18), C: VEGF, Epiteloide (N=23) y No Epiteloide (N=36), D: MMP2, Epiteloide (N=30) y No Epiteloide (N=44), E: CDH13, Epiteloide (N=30) y No Epiteloide (N=44), F: GREM1, Epiteloide (N=19) y No Epiteloide (N=19). Las muestras de Sobrenadante (B-F) se normalizaron respecto a la cantidad total de proteína. Test estadístico: Mann-Whitney.

Al comparar la media de la concentración de TSP1 en los efluentes de pacientes que drenaron células con fenotipo Epitelioide y No Epitelioide, se constató que la diferencia entre ambos grupos fue muy significativa, siendo la media del grupo No Epitelioide (N=20) de $66,62 \pm 42,18$ mg/ml, muy superior respecto al grupo Epitelioide (N=20), que presentó una media de $5,79 \pm 7,67$ mg/ml (Figura 19A).

Para reforzar la idea de que el TSP1 en los efluentes de los pacientes está ligado a la morfología de las células que han sido drenadas, se correlacionó la concentración de TSP1 de cada efluente con el Índice Elíptico de la células mesoteliales correspondientes a dicho efluente (N=40), obteniéndose una correlación positiva muy significativa entre ambas variables y un índice de correlación aceptable (Figura 19B). Estos resultados, junto con los expuestos en la Figura 19A parecen indicar que según avanzamos en el proceso de la MMT, aumenta la concentración de TSP1 en los efluentes de los pacientes, pues tenemos diferencias claras en la cantidad de esta proteína entre estados iniciales representado por las células Epitelioides, y estados más avanzados correspondientes a las células No Epitelioides. Es más, a medida que avanzamos en el proceso de la transición y las células son cada vez más alargadas (el Índice Elíptico va haciéndose cada vez mayor), obtenemos mayores cantidades de TSP1. Debido a estos resultados, consideramos que TSP1 puede considerarse un buen biomarcador del estado de la MMT.

Cuando se analizó el transporte peritoneal respecto a TSP1 en el Efluente, se obtuvo que los pacientes altos transportadores, los cuales presentan un $\text{Cr-MTC} > 11$ (N=14), mostraban una mayor cantidad de la proteína, $67,81 \pm 50,66$ ng/ml, que los pacientes que tiene un $\text{Cr-MTC} < 11$ (N=26) con $19,19 \pm 26,11$ ng/ml, siendo esta diferencia entre ambos grupos estadísticamente significativa. Este resultado nos permite comprobar que TSP1 puede ser útil para reflejar el estado del transporte de solutos a través de la membrana peritoneal, pudiendo ser un buen biomarcador de la función peritoneal.

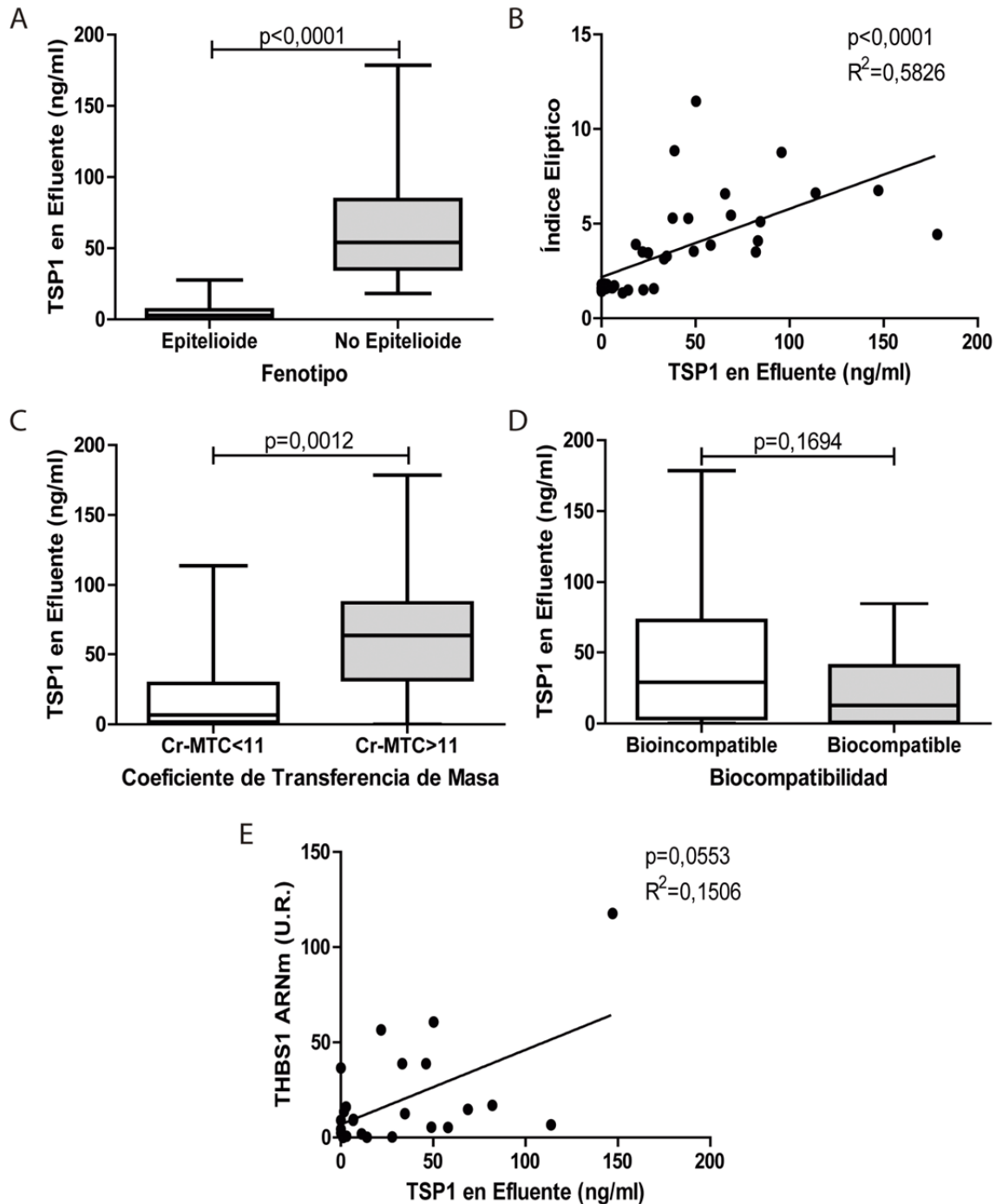


Figura 19: TSP1 en efluente. A: TSP1 agrupado según el Índice Elíptico, en el cual vemos que TSP1 se encuentra más inducido en el fenotipo No Epiteliode. B: Correlación con el Índice Elíptico, en el que se observa que TSP1 aumenta cuanto más alargada está la célula. C: Proteína agrupada según el Cr-MTC, siendo TPS1 inducido en los pacientes que presenta un Cr-MTC > 11. D: Agrupado según la Biocompatibilidad del líquido de diálisis, encontrándose que hay más TSP1 en los líquidos Bioincompatibles. E: Correlación entre proteína y ARNm, siendo el caso que a más ARNm, más proteína encontramos en el efluente. U.R.: unidades relativas. Test estadísticos: Mann-Whitney (A, C y D); Correlación de Spearman (B y E).

En el análisis de TSP1 respecto a la compatibilidad de los líquidos de diálisis (Figura 19D), aunque sin llegar a ser estadísticamente significativo, si se puede apreciar una tendencia a encontrarse una mayor cantidad de TSP1 los efluentes de los líquidos Bioincompatibles (N=22), $45,89 \pm 50,75$ ng/ml, respecto a los líquidos Biocompatibles (N=18), $24,38 \pm 27,93$ ng/ml.

Al correlacionar el TSP1 en el efluente con su ARNm, se obtuvo que esta era positiva y prácticamente significativa (Figura 19E), comprobándose que cuanto más ARNm sintetiza la célula mesotelial, más TSP1 es liberado.

También se midió la cantidad de VEGF en los mismos efluentes procedentes de pacientes en diálisis peritoneal. Cuando se analizó la cantidad de VEGF de los efluentes respecto al fenotipo de las células mesoteliales, se obtuvo una diferencia muy significativa entre ambos grupos, siendo mayor en el grupo de No Epitelioides (N=20), con $43,70 \pm 8,18$ pg/ml, mientras que el grupo de Epitelioides (N=20) se obtuvieron $12,73 \pm 6,81$ pg/ml (Figura 20A). La correlación del VEGF con el valor del Índice Elíptico de los cultivos de células mesoteliales fue muy significativa, de tal forma que cuanto más alargada se encuentra la célula (Índice Elíptico más alto), hay más VEGF presente en los efluentes peritoneales de los pacientes (Figura 20B). Teniendo en cuenta estos resultados, vemos que la cantidad de VEGF en los efluentes está relacionada con el fenotipo de las células mesoteliales durante la MMT, discriminando entre estados tempranos y más avanzados del proceso. Por estos motivos, y de forma similar al caso de TSP1, VEGF puede ser un buen biomarcador del desarrollo del proceso de la MMT y puede ser útil en la práctica clínica.

Al analizar el transporte a través de la membrana respecto el VEGF de los efluentes, se obtuvieron diferencias claramente significativas entre los pacientes que presentaban un Cr-MTC >11 (N=13), con $38,42 \pm 14,76$ pg/ml al compararlo con los que el Cr-MTC <11 (N=26), con $24,19 \pm 18,17$ pg/ml (Figura 20C). Como los valores de VEGF son más elevados en los pacientes que presentan alteraciones en el transporte (indicado por el valor de Cr-MTC >11), podemos considerar al VEGF como un biomarcador del estado funcional de la membrana peritoneal, asociando niveles altos de VEGF con estados funcionalmente patológicos.

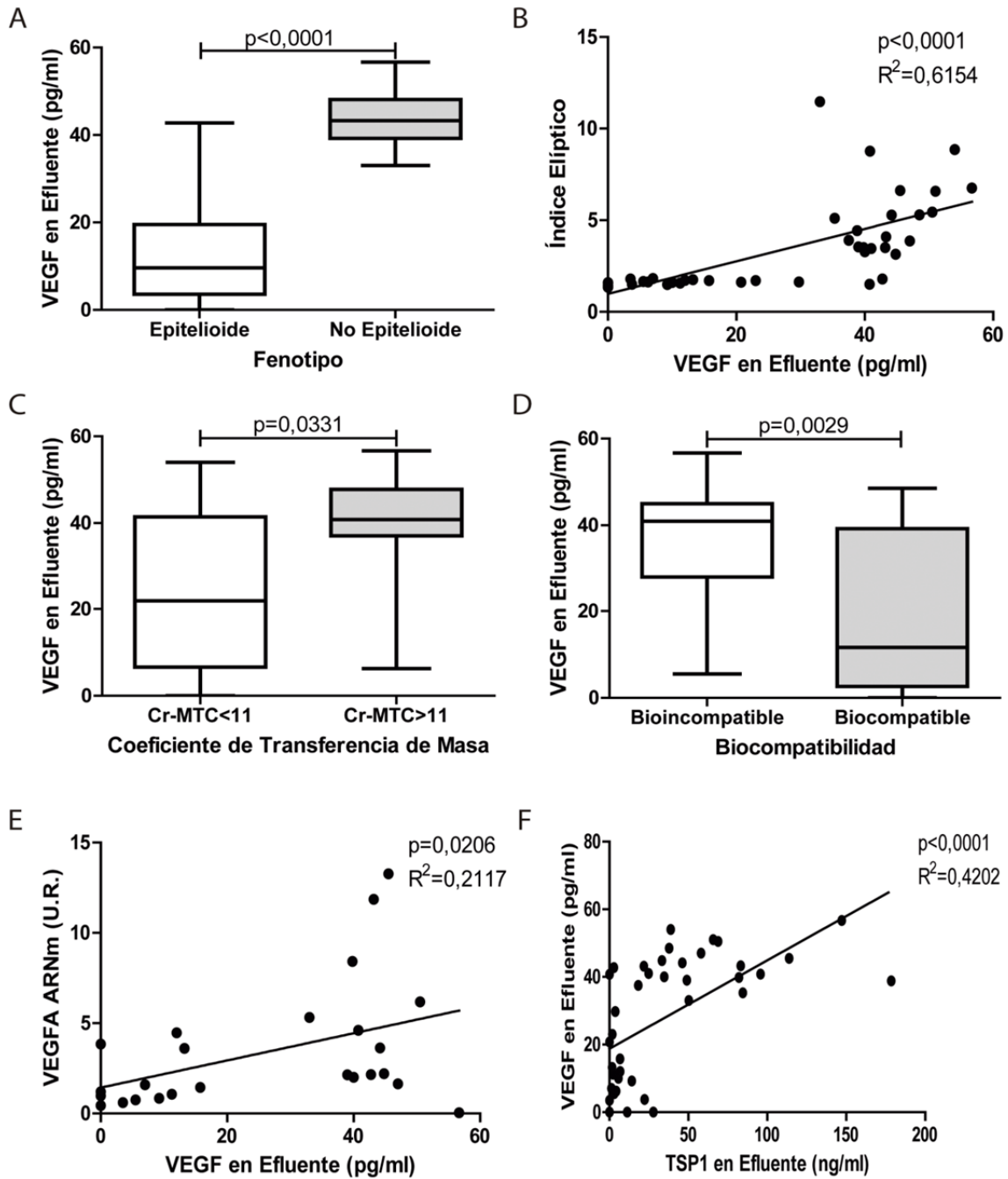


Figura 20: VEGF en efluente. A: Agrupado según el Índice Elíptico, en el cual vemos que en el fenotipo No Epitelioid se encuentra más inducido VEGF. B: Correlación con el Índice Elíptico, en el que se observa que VEGF aumenta cuanto más alargada está la célula. C: VEGF agrupado según el Cr-MTC, siendo en los pacientes que presentan un Cr-MTC > 11 mayor la cantidad de VEGF. D: Agrupamiento según la biocompatibilidad del líquido de diálisis, encontrándose que hay más VEGF en los líquidos Bioincompatibles. E: Correlación entre proteína y ARNm, siendo el caso que a más ARNm, más proteína encontramos en el efluente. F: Correlación entre TSP1 y VEGF en el efluente, aumentando ambas de forma significativa. U.R.: unidades relativas. Test estadísticos: Mann-Whitney (A, C y D); Correlación de Spearman (B, E y F).

En el caso de la biocompatibilidad de los líquidos de diálisis, el VEGF de los efluentes fue mayor en el grupo de los líquidos Bioincompatibles (N=22), presentando una media de $36,16 \pm 15,24$ pg/ml, mientras que en el grupo de los Biocompatibles (N=18) fue de $18,50 \pm 17,94$ pg/ml, siendo esta diferencia entre ambos tipos de líquidos estadísticamente significativa (Figura 20D).

Al correlacionar el VEGF de los efluentes con sus respectivos ARNm se obtuvo que dicha correlación era positiva y significativa (Figura 20E), por lo que, si se produce un aumento en la síntesis de ARNm en la célula mesotelial, tenemos un aumento a la vez del VEGF que es liberado al efluente en los pacientes sometidos a diálisis peritoneal. Debido a que TSP1 y VEGF, por los resultados expuestos anteriormente, tenían un comportamiento similar en los efluentes peritoneales, se correlacionó la cantidad de ambas proteínas en dichos Efluentes (Figura 20F), mostrando correlación positiva con una fuerte significancia entre ambas.

GREM1 es el gen más inducido tanto en Epitelioides como en No Epitelioides, aunque su expresión es algo mayor en este último caso. Al realizar estos mismos análisis obtuvimos unos resultados aparentemente contradictorios a lo esperado. Al comparar la cantidad de *GREM1* en los efluentes según el fenotipo, se obtiene que es mayor en el grupo Epiteloide (N=20) con $0,4405 \pm 0,3598$ ng/ml que en No Epiteloide (N=20) con $0,3555 \pm 0,3756$ ng/ml (Figura 21A). Cuando se correlacionó la cantidad de proteína con el Índice Elíptico se obtuvo una tendencia negativa (Figura 21B).

Al agrupar de acuerdo con el MTC de creatinina (Figura 21C), *GREM1* se encontraba en mayor cantidad en los efluentes de pacientes con $\text{Cr-MTC} < 11$ (N=26) con $0,4942 \pm 0,3993$ ng/ml, que en los pacientes con $\text{Cr-MTC} > 11$ (N=14) con $0,2193 \pm 0,2037$ ng/ml, mientras que al clasificar de acuerdo a la biocompatibilidad del líquido de diálisis, *GREM1* fue mayor en los Biocompatibles (N=18) con $0,5044 \pm 0,4796$ ng/ml, respecto a los Bioincompatibles (N=22) con $0,3104 \pm 0,2106$ ng/ml (Figura 21D).

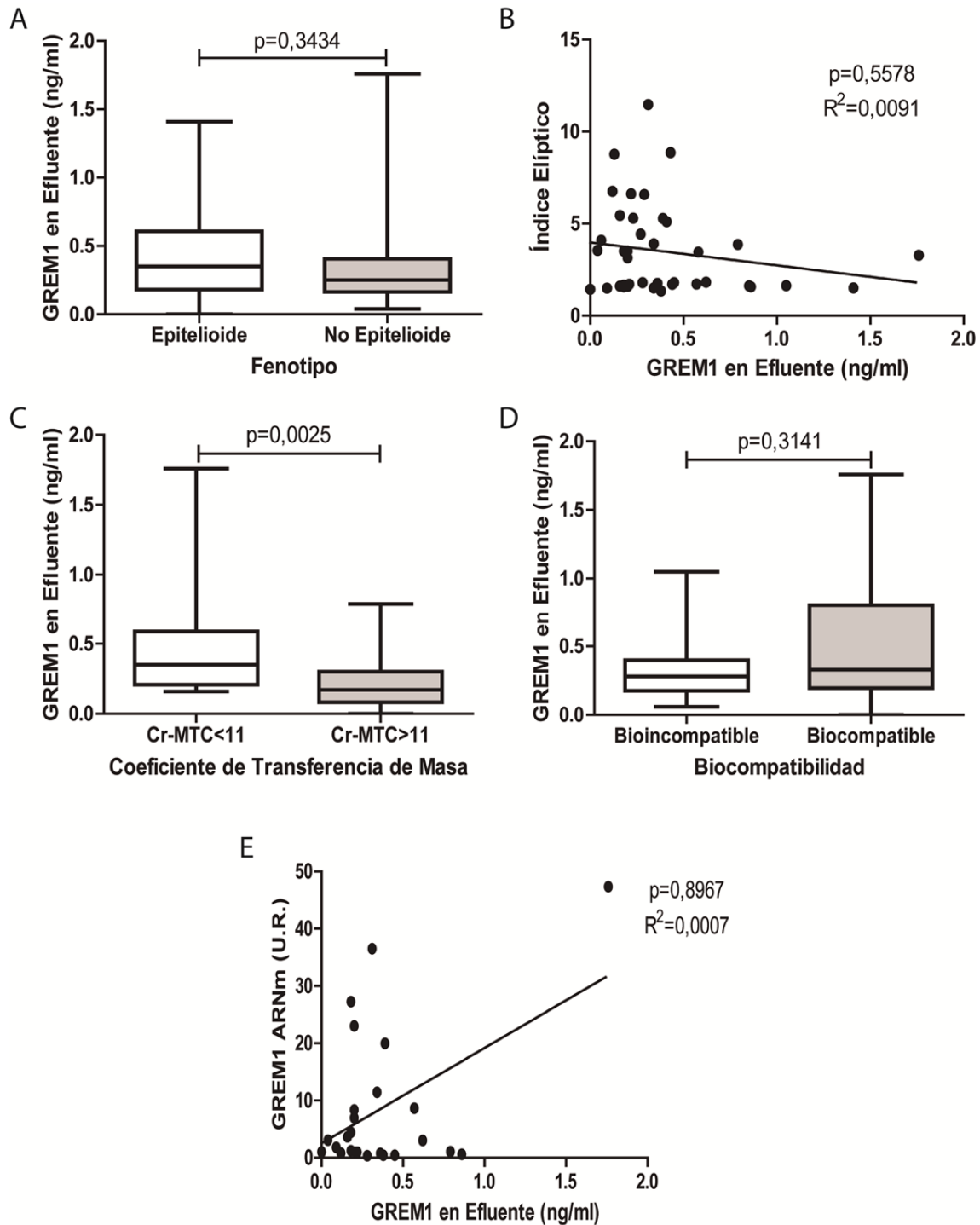


Figura 21: GREM1 en efluente. A: GREM1 agrupado según el Índice Elíptico, en el cual vemos que GREM1 se encuentra más inducido en el fenotipo Epiteloide. B: Correlación con el Índice Elíptico, en el que se observa que GREM1 disminuye cuanto más alargada está la célula. C: Proteína agrupada según el Cr-MTC, siendo GREM1 inducido en los pacientes que presenta un Cr-MTC < 11. D: Agrupado según la Biocompatibilidad del líquido de diálisis, encontrándose que hay más GREM1 en los líquidos Biocompatibles. E: Correlación entre proteína y ARNm, siendo el caso que a más ARNm, más proteína encontramos en el efluente. U.R.: unidades relativas. Test estadísticos: Mann-Whitney (A, C y D); Correlación de Spearman (B y E).

Si correlacionamos la cantidad de GREM1 en el efluente con su ARNm, obtenemos una correlación positiva, pero es claramente debido a un punto aislado (Figura 21E). Es importante destacar que salvo en el caso del Cr-MTC (Figura 21C), el resto de resultados para GREM1 en el efluente no fueron significativos.

En resumen, tanto TSP1 como VEGF medidos en los efluentes de los pacientes en diálisis peritoneal, muestran un claro aumento en los estados más avanzados de MMT (fenotipo No Epitelioide) respecto a estados más tempranos de dicho proceso (fenotipo Epitelioide). Así mismo, estas proteínas se encuentran en mayor medida en los Efluentes procedentes de aquellos pacientes que presentan un Cr-MTC>11, los denominados alto transportadores, que son pacientes que presentan alteraciones en el transporte de membrana. Por último, los líquidos bioincompatibles, que producen una mayor agresión a la membrana peritoneal que los biocompatibles, tienen un aumento en TSP1 y VEGF, apoyando la idea de que estas proteínas aumentan en los peritoneos dañados y que en consecuencia sufren un fenómeno de MMT. Por estos motivos aquí expuestos, consideramos que TSP1 y VEGF pueden ser unos biomarcadores adecuados para detectar las alteraciones de la membrana peritoneal que conducen al fallo de ultrafiltración y al fracaso de la diálisis peritoneal, así como biomarcadores de MMT en estudios *in vitro* e *in vivo*.

DISCUSIÓN

1. EXPRESIÓN DIFERENCIAL DE GENES

El empleo de la técnica de microarrays para el estudio de la expresión génica diferencial en la diálisis peritoneal ha sido empleado con anterioridad en otros contextos, como en el análisis de la EMT en células mesoteliales de rata¹¹³, en la esclerosis peritoneal encapsulante (EPS)¹¹⁴, o cómo distintos tipos de líquidos de diálisis pueden afectar al resultado del tratamiento¹¹⁵. En este trabajo, se determina una huella genética de la MMT inducida mediante TGF- β 1 e IL-1 β en los modelos *in vitro* o mediante diálisis peritoneal en pacientes sometidos a este tipo de terapia renal sustitutiva en los modelos *ex vivo*.

El primer aspecto destacable de los estudios realizados en microarrays es que en todos los análisis de la expresión génica diferencial, ya sea en el modelo *in vitro* como en los trabajos *ex vivo*, el número de genes reprimidos ha sido mayor que el número de genes inducidos (excepto en el único caso de los controles “*ex vivo*”). Este resultado viene a determinar que el desarrollo de la MMT es fundamentalmente un proceso de represión génica y que el cambio fenotípico que sufren las células mesoteliales, tanto a nivel morfológico como funcional, es debido en su mayor parte a la disminución en la expresión o inactivación de muchos de los genes que intervienen en el proceso, en lugar de una sobreexpresión de proteínas previamente producidas o la síntesis de nuevos productos. Precisamente este cambio fenotípico queda reflejado en el mayor número de genes, tanto inducidos como reprimidos, que hay en las muestras No Epitelioides al compararlas con las Epitelioides, mostrando así como a medida que progresa el fenómeno de la MMT, los cambios que se producen son cada vez más profundos a medida que la célula pasa de un estado mesotelial a otro mesenquimal.

Una de las conclusiones más claras y evidentes que se puede extraer de estos estudios se obtiene cuando comparamos el número de genes inducidos y reprimidos entre los modelos *in vitro* y *ex vivo*, mostrando un solapamiento parcial entre ambas aproximaciones experimentales en los que solamente un subconjunto de genes cambia su expresión en ambos modelos, mientras que el resto lo hace sólo en uno de los contextos. Esta coincidencia parcial en los

genes que modifican su expresión en ambas aproximaciones experimentales en principio no debería sorprendernos, pues aparte de que las células mesoteliales se encuentran en distintos microambientes cuando se desarrolla este proceso, la MMT *in vitro* es debida a la inducción mediante TGF- β e IL-1 β a concentraciones superiores a la fisiológica (es decir, mediante un estímulo bien definido y controlado), mientras que en los pacientes, la MMT se induce por la combinación de múltiples factores que establecen complejas relaciones entre ellos, siendo difícil establecer prioridades o jerarquías entre estos factores^{14,67,116,117}, potenciando o reduciendo sus efectos. De esta manera podemos establecer una huella genética de la MMT dependiente del contexto en que se produce. A partir de los genes que cambian su expresión tanto en común como o en cada caso en particular, podemos distinguir entre una MMT producida *in vitro*; o diferenciar entre las etapas iniciales del proceso (fenotipo Epiteliode) y aquellas más avanzadas y tardías (fenotipo No Epiteliode). Esta capacidad para discriminar entre estas distintas situaciones viene confirmada tanto por los análisis de clusters o agrupamientos entre los dos fenotipos respecto al pool control (Figura 12) como cuando realizamos la clasificación de No Epitelioides respecto a Epitelioides (Figura 13), en los que empleando precisamente el conjunto de todos los genes inducidos y reprimidos, clasificamos correctamente las muestras obtenidas a partir de los pacientes en diálisis peritoneal en sus respectivos fenotipos Epiteliode y No Epiteliode. Gracias a la validación de un grupo de genes escogidos de los estudios de microarrays, además de validar la técnica, vemos como mantienen la capacidad discriminatoria entre ambos fenotipos (Figuras 14 y 15).

Si nos fijamos en los genes que se encuentran tanto inducidos como reprimidos en los grupos *in vitro*, Epiteliode y No Epiteliode, podemos establecer la hipótesis de que este subconjunto de genes juega un papel importante, tal vez fundamental, en el desarrollo de la MMT de células mesoteliales en diferentes contextos. Estos genes podrían estar implicados en funciones necesarias (lo que no implica que sean suficientes) para que se desarrolle con éxito una MMT. Algo similar, pero más acotado, ocurre con los genes comunes a los fenotipos Epiteliode y No Epiteliode, los cuales nos mostrarían un subgrupo de genes importantes para el fenómeno de la MMT en

pacientes sometidos a diálisis peritoneal, mientras que los genes que tienen una expresión génica diferencial exclusivamente en uno de estos fenotipos serían genes específicos de dicho fenotipo e indicativos del estado temprano o tardío del proceso de transición (Tabla 13, Figura 10).

Como cabría esperar, la cantidad de genes comunes que cambian su expresión en los Controles *ex vivo*, Epitelioide y No Epitelioide es mínima, prácticamente despreciable, pudiendo ser debida fenómenos de variación interindividual. Este resultado refleja la diferencia a nivel genético entre las células mesoteliales que no han sufrido un proceso de transición y aquellas que han desarrollado una MMT (Tabla 14, Figura 11).

2. ANÁLISIS FUNCIONAL

De acuerdo con el análisis de las anotaciones obtenidas en Gene Ontology, se obtuvo que en tres grupos (No Epitelioide y Epitelioide; *in vitro* y Epitelioide; *in vitro*, No Epitelioide y Epitelioide), en el caso de genes inducidos, había anotaciones que presentaban un valor p estadísticamente significativo, pero debido a que su FDR fue mayor que 0,05, no se consideraron para estos estudios.

En el resto de casos, las anotaciones que se obtienen de los análisis concuerdan con los acontecimientos que se producen durante una transición mesenquimal. En las etapas iniciales (fenotipo Epitelioide) se encuentra un claro predominio de la represión de procesos implicados en el desarrollo a distintos niveles y de distintas estructuras nucleares. De esta forma, debido al cambio fenotípico que se produce, se bloquea el mantenimiento de la morfología mesotelial y de la división y proliferación celular, preparando a la célula para la adquisición de un fenotipo migratorio. Y es precisamente en estados avanzados de la MMT (fenotipo No Epitelioide) donde encontramos anotaciones, en genes inducidos, implicadas en procesos de migración o motilidad celular. También se encuentran anotaciones implicadas en el desarrollo de angiogénesis, regulación de la formación de vasos sanguíneos y

producción de VEGF, estando estos fenómenos aumentados en el desarrollo de la MMT de las células mesoteliales¹¹⁸. Entre los genes reprimidos, encontramos anotaciones que concuerdan con el nuevo estado mesenquimal por parte de la célula, como es la represión del desarrollo del epitelio y la diferenciación de las células epiteliales, así como el desarrollo de distintos órganos específicos. La presencia en los genes reprimidos de las anotaciones de adhesión celular y biológica no contradice que también las encontremos en los genes inducidos, pues esto es indicativo que cambio en el patrón de las proteínas de unión, perdiéndose la adhesión a un grupo de proteínas pero adquiriéndose en otras.

Cuando comparamos las anotaciones obtenidas en el modelo *ex vivo* (los fenotipos Epiteliode y No Epiteliode) con las del modelo *in vitro*, enseguida se comprueba que hay anotaciones comunes a ambos casos, por ejemplo, regulación de la angiogénesis, adhesión celular o regulación de la migración celular; mientras que en el modelo *in vitro* aparecen anotaciones que previamente no teníamos en los estudios *ex vivo*. Este resultado viene a reforzar la idea ya planteada al comparar los genes en ambos tipos de modelos de que existe un solapamiento parcial entre ambos, lo que nos lleva a concluir la existencia un unos procesos biológicos, componentes celulares y funciones moleculares que se producen (o son necesarias) en ambos situaciones o microambientes, mientras que otros son más dependientes del contexto.

3. ESTUDIOS EN PACIENTES

Al analizar los ARNm de diecisiete genes, previamente validados mediante PCR cuantitativa, en células mesoteliales obtenidas a partir de los efluentes de pacientes que fueron sometidos a diálisis peritoneal, se obtuvo una serie de genes que mostraban una diferencia significativa en su expresión, o una tendencia hacia la significancia, entre los fenotipos Epiteliode y No Epiteliode.

Entre estos genes y sus productos proteicos tenemos CD44, que estaba inducido en los estudios de microarrays, una proteína de unión a ECM y marcador de células madre cancerosas (*cancer stem cells*, **CSC**) en muchos tumores¹¹⁹. Estas CSC, caracterizadas por ser CD44⁺/CD24^{-low}, presentan características similares, ya sea en la función, en las propiedades celulares, el fenotipo o los marcadores, con las células madre o progenitoras normales, que también presentan un marcaje CD44⁺/CD24^{-low}¹²⁰. Hay numerosos trabajos que relacionan la EMT con el aumento de la adquisición de características de CSC por parte de las células epiteliales^{119,120}, y como CD44 es un marcador de célula madre mesenquimal (*Mesenchymal stem cell*, **MSC**)^{121,122} no es de extrañar que nuestro modelo de MMT encontremos inducido a CD44.

Otra molécula interesante es CDH13. Pertenece a la superfamilia de las cadherinas, presentando un dominio extracelular íntimamente relacionado con las cadherinas clásicas (como la E-CDH), presentando cinco dominios (EC1-EC5) conectados zonas de unión a calcio. Pero a diferencia de las cadherinas clásicas, CDH13 no presenta un dominio intracelular y se encuentra unida a la membrana celular mediante un enlace a glicosilfosfoinositol (GPI)^{123,124}. Este hecho, junto con su localización apical en vez de basolateral, llevó a pensar que su función principal estaría implicada en procesos de señalización y no en adhesión^{123,124}, pero se han publicado estudios que indicarían que CDH13 puede estar implicada en fenómenos de adhesión a través de mecanismos diferentes a los empleados por las cadherinas clásicas¹²⁵. Se ha descrito que CDH13 es un receptor, junto AdipoR1 y AdipoR2, de la *adiponectina*, concretamente de sus formas hexaméricas y de alto peso molecular (**HMW**)¹²⁶. La adiponectina es una adipoquina producida por los adipocitos, los cuales se encuentran en abundancia en la cavidad peritoneal y se ha descrito su implicación en procesos de inflamación y enfermedades inmunes¹²⁷, así como un efecto cardioprotector en ratones a través de CDH13¹²⁸.

Como ya se ha visto en numerosos casos, durante la transición aumenta la producción de distintos colágenos, como son el colágeno I y III, los cuales se emplean como marcadores de la MMT. Otros colágenos que pudimos comprobar que aumentan durante este proceso biológico y que distinguen entre los fenotipo Epiteliode y No Epiteliode fueron COL6A3 y COL13A1. El

colágeno VI tiene una distribución ubicua, especialmente en los tejidos conectivos. Está formado por tres cadenas alfa, $\alpha 1$, $\alpha 2$ y $\alpha 3$ que se disponen formando microfibrillas. *COL6A3* es el gen que contiene la información para la síntesis de la cadena $\alpha 3$, la cual es más grande que las otras dos^{129,130} y es la más interesante en nuestro caso, pues el dominio C5 carboxiterminal se escinde mediante procesos proteolíticos, liberando un fragmento al que se denomina *Endotrofina (Endotrophin)*^{131,132}. Se ha descrito que la Endotrofina potencia la EMT inducida por TGF- $\beta 1$ en el caso de ciertos tumores y dado que los adipocitos son una de las mayores fuentes de *COL6A3*, podríamos suponer que la Endotrofina producida por las células grasas de la cavidad peritoneal (como el omento) tendría un papel potenciador de la MMT en la membrana peritoneal. La Endotrofina también juega un papel en la fibrosis tisular y en la disfunción metabólica en el tejido adiposo, participa en la progresión de ciertos tumores y se ha visto que su inhibición aumenta la sensibilidad frente a la quimioterapia, concretamente a la cisplatina en células tumorales mamarias en modelos de ratón¹³¹⁻¹³⁶.

El Colágeno XIII, codificado en el gen *COL13A1*, es una proteína transmembrana de tipo II que forma homotrímeros de cadenas alfa y atraviesa una vez la membrana celular. El dominio intracelular es muy corto, mientras que el extracelular es muy largo, formado por secuencias de colágeno (COL1-COL3) interrumpidas por secuencias de no colágeno (NC1-NC4). Este dominio extracelular puede ser liberado al medio mediante proteasas de tipo furina o furin proteasas donde no pierden su conformación y puede ejercer distintas funciones, como unirse a distintas proteínas de ECM *in vitro*¹³⁷. Esta proteína se localiza en las adhesiones focales, por lo que está implicado en la modulación de la adhesión celular y se une a ligandos como la Fibronectina, el Nidogen-2 y el Perlecan. Se ha visto la implicación de *COL13A1* en distintos procesos de diferenciación y maduración, especialmente asociados con la vasculogénesis e inflamación, o en la trans migración de monocitos en modelos de ratón de fibrosis renal. *COL13A1* se encuentra muy inducido en tumores epiteliales y mesenquimales, así como muy expresado en tejido embrionario (especialmente el que se origina en el mesoderma) siendo más bajo en el tejido maduro de adulto¹³⁸⁻¹⁴⁰.

El gen para Gremlin1 (*GREM1*) fue el que estaba más inducido tanto en el fenotipo Epiteliode como en el No Epiteliode en los estudios de microarrays. Gremlin1 es una pequeña glicoproteína que se libera al medio, perteneciente la superfamilia de proteínas nudo de cisteína y es antagonista de BMPs, por lo que se une formando heterodímeros con BMP-2, BMP-4 y BMP-7, inactivando su función pues no permite que se unan a sus receptores en la membrana celular. Es una proteína muy conservada evolutivamente e importante en los procesos de desarrollo embrionario¹⁴¹⁻¹⁴³. Aparte de que se ha encontrado Gremlin1 en tumores humanos y que parece participar en la migración, proliferación e invasión de las células tumorales¹⁴², se ha visto que Gremlin1 es un agonista de VEGFR2, activando este receptor e induciendo angiogénesis de manera independiente de BMPs¹⁴¹. Aparte de su participación en la neovascularización tumoral¹⁴¹, Gremlin1 podría estar jugando un papel en el aumento de la vascularización de la membrana peritoneal durante el tratamiento de diálisis peritoneal. Este Gremlin1 podría provenir de las células mesoteliales que están desarrollando una MMT. En membranas peritoneales de ratón se ha visto que Gremlin1 parece inducir fibrosis, angiogénesis y transición mesenquimal y el Gremlin1 de los efluentes de pacientes en diálisis peritoneal presenta una correlación positiva con el transporte de membrana de estos mismos pacientes, por lo que se ha propuesto a esta molécula como un biomarcador de daño de la membrana peritoneal¹⁴³. Además, se ha visto que Gremlin1 es un mediador de la fibrosis inducida por TGF- β en células renales¹⁴⁴.

La interleukina 33 (IL-33) es una citoquina nuclear perteneciente a la superfamilia de la citoquina IL-1 que juega un importante papel en la inmunidad innata tipo 2. Se expresa constitutivamente en tejidos epiteliales de barrera y órganos linfoides, aumentando su expresión en condiciones inflamatorias^{145,146}. Puede presentar una función dual, ya sea como factor de transcripción pudiéndose unir al NF- κ B, el cual es conocido por su participación en la ruta de señalización del TGF- β 1 independiente de Smad en las células mesoteliales^{117,146} o como una citoquina secretada al medio donde se une a IL-1RL1 para la transducción de señales¹⁴⁶. IL-33 también juega un papel en procesos de asma¹⁴⁷ (donde la EMT es importante para la remodelación del

tejido que se produce) y en inflamación, lo cual es relevante dado que se han descritos fenómenos inflamatorios en la membrana peritoneal durante la diálisis peritoneal¹⁴⁸.

Otro de los genes que se inducen en los estudios de microarrays y nos distingue entre los fenotipos *ex vivo* es *KRT34*, es cual se ha visto inducido en la despolimerización de la F-actina en células stem mesenquimales¹⁴⁹.

En nuestro conjunto de genes, son destacables *MMP1* y *MMP2*. Se ha descrito un aumento de los MMPs durante la transición mesenquimal, como el caso de la proteína MMP1 en el frente de invasión tumoral¹³ o las proteínas MMP2 y MMP9 en la MMT, lo cual permite degradar el tejido conectivo y la membrana basal, lo que posibilita la invasión de las células mesoteliales¹¹⁷. Hay diversos trabajos que muestran una relación entre el MMP2 de los efluentes peritoneales y el transporte de membrana^{150,151}.

El gen *TFPI2* codifica para una proteína inhibidora serin-proteasa tipo Kunitz y se ha determinado que se encuentra metilado en distintos tipos de tumores humanos, lo cual conduce a pensar que tiene un papel de gen supresor de tumores¹⁵². Además, se ha visto que aumenta su expresión en un modelo de EMT *in vitro* de células de cáncer de pecho¹⁵³.

Sin duda, uno de los genes más interesantes identificados en estos análisis es *THBS1*, que codifica para la proteína Trombospondina (TSP1). Esta molécula es una glicoproteína de unión a calcio, extracelular, oligomérica y multifuncional que forma homotrímeros de gran tamaño. La estructura del monómero presenta variados dominios de unión a otras proteínas, con un dominio C-terminal homólogo a la Leptina L, varios dominios de unión a calcio denominados repeticiones de tipo 3, seguido de tres dominios tipo EGF. El extremo N-terminal mantiene una estructura tipo Laminina G seguido de un dominio estructural vWF_C, próximo a la zona donde se establecen los puentes disulfuro para la formación de los trímeros. Destacable es la presencia de tres dominios trombospondina tipo 1 o **TSR** que se encuentran implicados en el desarrollo de distintas funciones^{154,155}. Debido a la presencia de estos distintos dominios de unión a múltiples moléculas, se han descrito distintas y variadas funciones de Trombospondina, específicas para cada tejido, como participar en

la regulación de la respuesta inflamatoria y angiogénica, la interacción con componentes de la ECM y glicosaminoglicanos, soportar la unión celular dependiente de calcio, la inducción de la propagación y migración celular, el desensamblaje de las uniones focales y fenómenos de proliferación o apoptosis^{154,155}.

Uno de los efectos más interesantes de la Trombospondina es su capacidad de inhibición de la angiogénesis, la cual realiza antagonizando el VEGF de tres maneras distintas. Una sería inhibiendo MMP9, lo cual produciría que no se liberase el VEGF atrapado en la ECM; una segunda sería mediante interacción directa con el VEGF; y la tercera sería inhibiendo la señal de transducción del VEGF, mediante la unión de la Trombospondina uno de sus receptores, el CD36, el cual interaccionaría con el VEGFR2, impidiendo su fosforilación. Otras formas de actuación en la angiogénesis sería mediante la inducción de apoptosis por CD36 y Fyn, la inhibición de la migración de la célula endotelial y su proliferación, o suprimiendo la señal del óxido nítrico mediante CD36 y CD47, ambos receptores de Trombospondina¹⁵⁶. Este efecto antiangiogénico parece no concordar con lo observado durante la MMT en el peritoneo, en el que claramente tenemos una inducción de la angiogénesis. Sin embargo, se ha descrito una actividad proangiogénica dependiente del contexto de la Trombospondina^{157,158}, y por otra parte, la Trombospondina tiene la capacidad de activar el TGF- β 1 latente^{155,159} que se encuentra en el medio extracelular, y como ya se ha comentado, el TGF- β 1 es uno de los más potentes inductores de la MMT.

Relacionando aún más a esta proteína con la MMT y las células mesoteliales, se ha descrito su implicación en la reparación y fibrosis de los tejidos¹⁵⁹, en inducción de la senescencia en HPMCs por la activación de TGF- β 1 mediada por Trombospondina¹⁶⁰ y se encuentra inducida en estudios de perfiles genéticos de tejidos en pacientes que sufren EPS cuando se comparan con pacientes urémicos o en PD¹⁶¹.

El VEGF es un conocido inductor de la angiogénesis, tanto en condiciones fisiológicas como patológicas, promoviendo la proliferación de las células endoteliales¹⁶². Esta es una molécula particularmente importante en

nuestro contexto, pues hay estudios que parecen indicar la existencia de una producción local de VEGF en la membrana peritoneal durante la diálisis peritoneal. Mediante el proceso de la MMT, la célula mesotelial produciría una gran cantidad de VEGF que estaría implicado en la disminución de la funcionalidad de la membrana y en la angiogénesis peritoneal. Y lo que es importante, el VEGF de los efluentes peritoneales parece estar asociado con la alteración del transporte a través de la membrana^{67,105,106,116,118,163,164}.

La acuaporina-1 (AQP1) forma canales de membrana específicos para agua e impermeables para urea y glicerol, teniendo así un importante papel en el transporte de agua y en la ultrafiltración. Se considera que el endotelio vascular es la principal barrera para el transporte a través de la membrana, y es en este endotelio donde encontramos a la acuaporina-1 formando lo que se conoce como poros ultrapequeños que, según estudios mediante simulaciones, estarían implicados en aproximadamente el 50% de la ultrafiltración¹⁶⁵⁻¹⁶⁷. Sin embargo, el ARNm de AQP1 que vemos reprimido en nuestros estudios es el correspondiente a las células mesoteliales, no a las endoteliales.

El BMP-7 es una proteína perteneciente a la superfamilia del TGF- β que al unirse a su receptor activa la ruta de Smad 1, 5, 8. Es una molécula capaz de promover la reversión del fenotipo mesenquimal a epitelial en células mesoteliales aisladas de efluentes peritoneales, o lo que es lo mismo, bloquea y revierte la MMT^{168,169}. Las células mesoteliales expresan BMP-7, pero se ha visto que este es inhibido durante la MMT, lo cual concuerda con nuestros resultados en que esta molécula también es reprimida. En modelos de diálisis peritoneal en rata, se ha comprobado que el BMP-7 mejora las alteraciones de la membrana peritoneal, lo que lleva a considerar la MMT como una posible diana terapéutica frente al fallo de la membrana peritoneal¹⁶⁹.

La E-cadherina, codificada por el gen *CDH1*, es un marcador clásico de transición mesenquimal utilizado en multitud de estudios. La E-cadherina se encuentra presente en las células epiteliales y mesoteliales formando parte de las uniones adherentes intercelulares, perdiéndose su expresión en el estado mesenquimal^{25,34,170}, tal y como ocurre en nuestros análisis, demostrando su validez como control interno.

KDR, también conocido como VEGFR2, es uno de los receptores de VEGF, el cual media en la angiogénesis y permeabilidad vascular de las células endoteliales^{118,171}. En nuestros estudios encontramos disminuida la expresión del gen que codifica para KDR durante la MMT, lo cual coincide con otros estudios que también ven este cambio en su expresión en células mesoteliales procedentes de pacientes en diálisis peritoneal¹¹⁸. Así nos encontramos con que la célula mesotelial, además de producir gran cantidad de VEGF, reprime la expresión de su receptor, por lo que este VEGF ejercerá su mayor efecto sobre las células endoteliales, aumentando su proliferación e induciendo la angiogénesis.

El gen *THBD* codifica para la proteína transmembrana Trombomodulina, que entre otros sitios, se expresa en células endoteliales de los vasos sanguíneos y en células mesoteliales¹⁷². Tiene una función de protección vascular y deficiencias en su expresión puede provocar un aumento de tromboembolismo y procesos inflamatorios¹⁷². Dado que en nuestros análisis encontramos que la Trombomodulina se encuentra reprimida, esto podría contribuir a los fenómenos de inflamación observados en el peritoneo durante la diálisis peritoneal.

Como se puede comprobar por todo lo expuesto, estos genes o las proteínas respectivas están implicados directa o indirectamente en fenómenos relacionados con la MMT durante la diálisis peritoneal u otras formas de transición mesenquimal o contextos.

3.1. ANÁLISIS DE ARNm

Gracias a que se produce un cambio en la expresión de los ARNm de *CD44*, *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *MMP1*, *TFPI2*, *THBS1*, *CDH1*, *KDR* y *THBD*, y aunque no de forma significativa el *VEGFA* muestra una clara tendencia a ello, podemos considerar estos genes como posibles candidatos a marcadores de la evolución del proceso de MMT durante la diálisis peritoneal, diferenciando entre un estado temprano (definido por el fenotipo Epitelioide) y

otro más tardío o avanzado del proceso (establecido por el fenotipo No Epiteliode).

Al comparar la expresión de estos genes en función de la biocompatibilidad del líquido, *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *THBS1* y *VEGFA* presentan un cambio significativo en su expresión de ARNm, mientras que *MMP1*, *AQP1* y *CDH1* muestran una tendencia a ello. La inducción de estos genes (incluidos *AQP1* y *CDH1*, aunque la diferencia entre ambos grupos es relativamente pequeña) en el grupo de los líquidos bioincompatibles nos puede estar mostrando el mayor daño que produce esta clase de líquidos, produciendo una inducción de MMT y en consecuencia, una mayor expresión de estos marcadores que hemos visto que se inducen durante la MMT en el modelo *ex vivo*. De estos ARNm, ocho de ellos cambian su expresión en ambos análisis: *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *MMP1*, *THBS1*, *VEGF* y *CDH1*, lo que nos podría indicar que son buenos marcadores de MMT y de la integridad de la membrana peritoneal.

Dado que los líquidos bioincompatibles son más agresivos e inducen un mayor cambio en las células mesoteliales del peritoneo^{115,117}, en aquellos pacientes tratados con líquidos bioincompatibles esperaríamos encontrar una mayor cantidad de células mesoteliales que hayan iniciado el proceso de transdiferenciación mesenquimal, mientras que en aquellos que empleen las soluciones biocompatibles que son menos perjudiciales, debería haber un menor grado de MMT. Esto es precisamente lo que ocurre en nuestros estudios, en los que encontramos que la mayoría de las células mesoteliales que expresan un fenotipo No Epiteliode proceden de pacientes que han sido tratados con líquidos bioincompatibles, mientras que los pacientes tratados con soluciones biocompatibles presentan más casos de fenotipo Epiteliode (Figura 16C).

Cuando se compararon los datos del Coeficiente de Transporte de Masas y de ultrafiltración según la biocompatibilidad de los líquidos de diálisis se obtuvieron unos resultados aparentemente contradictorios. En una membrana peritoneal sana y funcional, se esperaría un transporte de solutos relativamente bajo (lo que indicaría que al atravesar un soluto la membrana

desde la sangre a la cavidad peritoneal, este permanece en el líquido de diálisis; mientras que si el transporte es alto, el soluto puede pasar rápidamente de vuelta a la sangre, por lo que no se puede eliminar y disminuye la capacidad de purificación de sustancias tóxicas en la sangre) y una ultrafiltración alta, eliminando el exceso de agua. En nuestros resultados (Figura 16D) tenemos precisamente lo contrario. En los líquidos biocompatibles, que preservan mejor la membrana peritoneal, presentan un transporte (tanto en MTC de urea como en el de creatinina) mayor y una ultrafiltración menor que en los líquidos bioincompatibles, en los que la membrana estaría más dañada. Resultados similares se han obtenido en estudios realizados en pacientes que empleaban líquidos biocompatibles (Balance y BicaVera) y bioincompatibles (Stay Safe) (Tabla 2)^{173,174}. Sin embargo, hay que señalar que a diferencia de lo que ocurre con las soluciones bioincompatibles, todavía no hay estudios en los que esté bien caracterizado el comportamiento de la membrana peritoneal frente a los líquidos biocompatibles, por lo que futuros trabajos podrían explicar estos resultados aparentemente paradójicos.

Algo similar ocurre cuando correlacionamos la expresión de cada uno de los ARNm con los datos de transporte y ultrafiltración. Tal como se muestra en la Tabla 25, con independencia del valor de significación, si nos fijamos en el coeficiente de correlación R se comprueba que en el caso de los índices de transporte, tanto para urea como para creatinina, la mayoría de las correlaciones tienen un valor negativo o inverso, mientras que en el caso de la ultrafiltración predominan las correlaciones positivas o directas. Es justamente lo opuesto a lo esperado, en que los genes que se inducen durante la MMT deberían correlacionar positivamente con el transporte (y los que se reprimen inversamente) y negativamente con la ultrafiltración (de forma directa con los que se reprimen). Esta discrepancia entre los resultados esperados y los obtenidos puede ser debida a la presencia de pacientes en el estudio a los que se han tratado con líquidos biocompatibles, que como ya se ha comentado, todavía necesitan estudios que muestren claramente el comportamiento de la membrana peritoneal a la exposición de estos líquidos.

Un dato interesante obtenido al correlacionar todos los ARNm por parejas (Tabla 26A), es el poder definir un subconjunto de genes que

correlacionan todos ellos entre sí: *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *MMP2*, *THBS1* y *VEGFA*. Se podrían incluir *KDR*, que no correlaciona con *KRT34* ni con *THBS1*; y *THBD*, que no correlaciona con *KRT34*. Así obtenemos una serie de buenos candidatos a biomarcadores de la MMT en diálisis peritoneal, además de mostrar estos genes una buena correlación con el Índice Elíptico (Tabla 26B).

3.2. ANÁLISIS DE PROTEÍNA

Como siguiente paso en nuestros estudios se procedió a determinar la concentración de una serie de proteínas elegidas a partir de los estudios previos, concretamente TSP1, VEGF, MMP1, MMP2, COL13A1, CDH13 y GREM1, en plasma de pacientes y en sobrenadantes de cultivos de células mesoteliales obtenidas a partir de efluentes de pacientes en diálisis peritoneal para su correspondiente validación. Otra consideración que se tuvo en la selección de estas proteínas es que todas fueron secretables o potencialmente secretables al medio extracelular, lo que facilitaría su detección y su uso como marcadores clínicos. En plasma, sólo tenemos un resultado significativo en el caso del MMP1 (Figura 18A), por lo que este compartimento biológico parece no ser el más adecuado para la medición de marcadores peritoneales. Las células mesoteliales del peritoneo liberarían estas moléculas a la cavidad peritoneal, y parece ser que, bien por su tamaño, como puede ser TSP1 con su peso molecular de 450 KDa¹⁷⁵, o por otros motivos, estas moléculas no pasan bien al torrente circulatorio, siendo así la cantidad de estas moléculas procedentes de las células mesoteliales muy pequeña en plasma.

En cambio, en los sobrenadantes de los cultivos celulares TSP1, VEGF, MMP2, CDH13 y GREM1 muestran diferencias significativas entre Epitelioides y No Epitelioides, indicando así un potencial uso como marcadores (Figura 18B-F). El que COL13A1 no muestre diferencias significativas puede ser debido a que el colágeno 13 es una proteína transmembrana que puede ser liberada al medio mediante una furín-proteasa¹⁴⁰. Si, por el motivo que sea, el colágeno 13 no es liberado, podríamos tener una mayor cantidad de proteína

en las células No Epitelioides respecto a las Epitelioides, pero estaría atrapada en la membrana, por lo que no se liberaría al medio y no la podríamos detectar en los sobrenadantes de los cultivos celulares.

Aunque, como hemos visto, es posible detectar estas proteínas en los sobrenadantes y distinguir entre células con fenotipo Epitelioide y No Epitelioide, desde un punto de vista tanto práctico como clínico, el efluente peritoneal es el compartimento ideal para la medición de estos marcadores en potencia. Por este motivo, como primera aproximación y para comprobar que es posible detectar las proteínas en el efluente y que pueden ser utilizadas como marcadores, se realizó la medición de la cantidad de TSP1, VEGF y GREM1 en efluentes de pacientes en diálisis peritoneal (Figuras 18-20).

Tanto TSP1 como VEGF en efluente diferencian muy bien, y de forma muy significativa, entre los fenotipos Epitelioide y No Epitelioide, además de aumentar su expresión según aumenta el Índice Elíptico, es decir, según la célula adquiere una morfología más alargada. Por esto, podríamos considerar estas dos proteínas como buenos marcadores del proceso de MMT en diálisis peritoneal, pues su determinación a partir de los efluentes nos diferencian entre un estado temprano y otro más tardío del proceso de transición, y reflejan la integridad de la membrana peritoneal.

Si consideramos el estado funcional de la membrana, TSP1 y VEGF muestran una clara diferencia significativa entre los pacientes bajo-transportadores ($\text{Cr-MTC} < 11$) y los alto-transportadores ($\text{Cr-MTC} > 11$), siendo ambas proteínas más expresadas en éste último caso. Los pacientes alto-transportadores son aquellos que realizan un intercambio rápido de los solutos de pequeño tamaño, por lo que están pasando de la sangre al líquido de diálisis y de este de nuevo a la sangre y por tanto no son eliminados al extraer el efluente de la cavidad peritoneal. Además, este alto transporte es responsable de la pérdida del gradiente osmótico, perdiéndose por tanto la capacidad dializadora. De esta forma, TSP1 y VEGF en el efluente pueden ser indicadores del transporte peritoneal, siendo que a mayor cantidad de estas proteínas, el transporte es más rápido y no se eliminan los solutos, perdiendo eficacia el tratamiento.

Ya establecido que tanto TSP1 como VEGF son moléculas indicadoras de daño peritoneal, pues una mayor cantidad de proteína indica que está más avanzado el proceso de la MMT y más rápido es el transporte, al comparar su expresión en los líquidos bioincompatibles y los biocompatibles vemos que estos últimos expresan menor cantidad de estas proteínas, mostrando TSP1 una tendencia significativa y VEGF es claramente significativo. Esto concuerda con lo visto en otros estudios^{173,174}, en que los líquidos biocompatibles con menos dañinos para el peritoneo.

En cuanto a GREM1, es el gen más inducido en los estudios de microarrays, tanto en las células Epitelioides como No Epitelioides, y aunque no muestras diferencias significativas entre estos grupos a nivel de ARNm, sí que los hace en los sobrenadantes de los cultivos celulares. Sin embargo, en los efluentes no muestra tal diferencia en nuestros estudios y aunque respecto al transporte sí que es significativa la diferencia entre los pacientes con Cr-MTC<11 y Cr-MTC>11, obtenemos que GREM1 es mayor en Cr-MTC<11, lo cual iría en contra de lo esperado. Es más, hay un trabajo publicado en el que muestran una correlación positiva entre GREM1 en el efluente y el transporte¹⁴³. Es posible que nuestros datos contradictorios sean debido a la baja N de la que disponemos, siendo esperable que si la aumentamos obtendríamos unos resultados similares a los ya publicados. Sin embargo, parece claro que GREM1 interviene en el desarrollo de la MMT, pues su silenciamiento hace que disminuyan FN y COL1, marcadores inducidos durante la MMT.

En resumen y para finalizar, con todos los datos expuestos hasta el momento, tanto TSP1 como VEGF medido en efluentes peritoneales serían unos buenos biomarcadores de MMT inducido en diálisis peritoneal y del estado dicho proceso, del daño de membrana y del estado funcional de la membrana peritoneal, al menos en el caso del transporte de pequeños solutos, mientras que GREM1 sería un biomarcador de MMT, mostrando únicamente que se está desarrollando la transición, pero sin mostrar la etapa, temprana o tardía, en la que se encuentra.

CONCLUSIONES

1. La MMT es un proceso en el que predomina la represión de genes y en el que el número de genes diferencialmente expresados es mayor en el fenotipo No Epitelioide, indicando una mayor diferencia en la expresión génica según avanzamos en la MMT.
2. Existe un solapamiento parcial en los genes expresados diferencialmente entre los modelos “*in vitro*” y “*ex vivo*”, indicando que la MMT es un proceso dependiente del ambiente biológico y del contexto en el que se realice.
3. La huella genética determinada mediante microarrays sirve para distinguir o clasificar entre una etapa temprana (fenotipo Epitelioide) y estados más avanzados (fenotipo No Epitelioide) de la MMT.
4. Los ARNm de *CD44*, *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *KRT34*, *MMP1*, *TFPI2*, *THBS1*, *VEGFA*, *CDH1*, *KDR* y *THBD* muestran una diferencia significativa en su expresión entre los fenotipos Epitelioide y No Epitelioide. Un subgrupo de estos mismos ARNm también tiene una expresión distinta al considerar la biocompatibilidad de los líquidos de diálisis, por lo que pueden ser buenos marcadores del desarrollo de MMT y del estado de la membrana peritoneal.
5. Las proteínas TSP1 y VEGF en los efluentes peritoneales pueden ser biomarcadores de MMT y daño peritoneal, pues se expresan de distinta forma tanto si consideramos los fenotipos Epitelioide y No Epitelioide, el Cr-MTC y la biocompatibilidad de los líquidos de diálisis. GREM1 puede ser un biomarcador de MMT, incluso ser una molécula importante para este proceso biológico.
6. Consideramos que *CDH13*, *COL6A3*, *COL13A1*, *MMP1*, *GREM1*, *TSP1* y *VEGF* tienen el potencial suficiente para ser buenos biomarcadores de MMT y que pueden ser empleados en el desarrollo de un chip de diagnóstico y seguimiento del estado funcional de la membrana peritoneal en pacientes sometidos en PD con el objetivo de mejorar dicho tratamiento.

BIBLIOGRAFIA

1. Greenburg G, Hay ED. Epithelia suspended in collagen gels can lose polarity and express characteristics of migrating mesenchymal cells. *J Cell Biol* 1982 Oct; 95(1): 333-9
2. Thiery JP. Epithelial-mesenchymal transition in tumor progression. *Nat Rev Cancer* 2002 Jun; 2(6): 442-54
3. Potenta S, Zeisberg E, Kalluri R. The role of endothelial-to-mesenchymal transition in cancer progression. *Br J Cancer* 2008 Nov 4; 99(9): 1375-9
4. Sandoval P, Loureiro J, González-Mateo G, Pérez-Lozano ML, Maldonado-Rodríguez A, Sánchez-Tomero JA, Mendoza L, Santamaría B, Ortiz A, Ruíz-Ortega M, Selgas R, Martín P, Sánchez-Madrid F, Aguilera A, López-Cabrera M. PPAR- γ agonist rosiglitazone protects peritoneal membrane from dialysis fluid-induced damage. *Lab Invest* 2010 Oct; 90(10): 1517-32
5. Yung S, Chan TM. Pathophysiological changes to the peritoneal membrane during PD-related peritonitis: the role of mesothelial cells. *Mediators Inflamm* 2012; 2012:484167
6. Mutsaers SE. Mesothelial cells: their structure, function and role in serosal repair. *Respirology* 2002 Sep; 7(3): 171-91
7. Yung S, Chan TM. Mesothelial cells. *Perit Dial Int* 2007 Jun; 27 Suppl 2: S110-5
8. Micalizzi DS, Farabaugh SM, Ford HL. Epithelial-mesenchymal transition in cancer: parallels between normal development and tumor progression. *J Mammary Gland Biol Neoplasia* 2010 Jun; 15(2): 117-34
9. Gavert N, Ben-Ze'ev A. Epithelial-mesenchymal transition and the invasive potential of tumors. *Trends Mol Med* 2008 May; 14(2): 199-209
10. Voulgari A, Pintzas A. Epithelial-mesenchymal transition in cancer metastasis: mechanisms, markers and strategies to overcome drug resistance in the clinic. *Biochim Biophys Acta* 2009 Dic; 1796(2): 75-90
11. Acloque H, Adams Ms, Fishwick K, Bronner-Fraser M, Nieto MA. Epithelial-mesenchymal transitions: the importance of changing cell

- state in development and disease. *J Clin Invest* 2009 Jun; 119(6): 1438-49
12. Zavadil J, Haley J, Kalluri R, Muthuswamy SK, Thompson E. Epithelial-mesenchymal transition. *Cancer Res* 2008 Dec 1; 68(23): 9574-7
 13. De Wever O, Pauwels P, De Craene B, Sabbah M, Emami S, Redeuilh G, Gespach C, Bracke M, Berx G. Molecular and pathological signatures of epithelial-mesenchymal transitions at the cancer invasion front. *Histochem Cell Biol* 2008 Sep; 130(3): 481-94
 14. Aroeira LS, Aguilera A, Sánchez-Tomero JA, Bajo MA, del Peso G, Jimenez-Heffernan JA, Selgas R, López-Cabrera M. Epithelial to mesenchymal transition and peritoneal membrane failure in peritoneal dialysis patients: pathologic significance and potential therapeutic interventions. *J Am Soc Nephrol* 2007 Jul; 18(7): 2004-13
 15. Massagué J. TGF β in cancer. *Cell* 2008 Jul 25; 134(2): 215-30
 16. Padua D, Massagué J. Roles of TGF- β in metastasis. *Cell Res* 2009 Jan; 19(1): 89-102
 17. Massagué J. TGF β signaling in context. *Nat Rev Mol Cell Biol* 2012 Oct; 13(10): 616-30
 18. Moustakas A, Heldin CH. Induction of epithelial-mesenchymal transition by transforming growth factor β . *Semin Cancer Biol* 2012 Oct; 22(5-6): 446-54
 19. Xu J, Lamouille S, Derynck R. TGF- β -induced epithelial to mesenchymal transition. *Cell Res* 2009 Feb; 19(2): 156-72
 20. Miyazono K. Transforming growth factor- β signaling in epithelial-mesenchymal transition and progression of cancer. *Proc Jpn Acad Ser B Phys Biol Sci* 2009; 85(8): 314-23
 21. Strippoli R, Benedicto I, Pérez-Lozano ML, Pellinen T, Sandoval P, López-Cabrera M, del Pozo M. Inhibition of transforming growth factor-activated kinase (TAK1) blocks and reverses epithelial to mesenchymal transition of mesothelial cells. *PLoSOne* 2012; 7(2): e31492

22. Chandahary A, Howe PH. The tale of transforming growth factor-beta (TGFbeta) signaling: a soigné enigma. *IUBMB Life* 2009 Oct; 61(10): 929-39
23. Thiery JP. Epithelial-mesenchymal transitions in development and pathologies. *Curr Opin Cell Biol* 2003 Dec; 15(6): 740-6
24. Thiery JP, Acloque H, Huang RY, Nieto MA. Epithelial-mesenchymal transitions in development and disease. *Cell* 2009 Nov 25; 139(5): 871-90
25. Lim J, Thiery JP. Epithelial-mesenchymal transitions: insights from development. *Development* 2012 Oct; 139(19): 3471-86
26. Le Bouss-Kerdilès MC, Martyré MC, Samson M. Cellular and molecular mechanisms underlying bone marrow and liver fibrosis: a review. *Eur Cytokine Netw* 2008 Jun; 19(2): 69-80
27. Bucala R, Spiegel LA, Chesney J, Hogan M, Cerami A. Circulating fibrocytes define a new leukocyte subpopulation that mediates tissue repair. *Mol Med* 1994; 1: 71-81
28. Grieb G, Steffens G, Pallua N, Bernhagen J, Bucala R. Circulating fibrocytes-biology and mechanisms in wound healing and scar formation. *Int Rev Cell Mol Biol* 2011; 291: 1-19
29. Zeisberg EM, Potenta S, Xie L, Zeisberg M, Kalluri R. Discovery of endothelial to mesenchymal transition as a source for carcinoma-associated fibroblasts. *Cancer Research* 2007 Nov; 67(21): 10123-8
30. Zeisberg M, Yang C, Martino M, Duncan MB, Rieder F, Tanjore H, Kalluri R. Fibroblasts derive from hepatocytes in liver fibrosis via epithelial to mesenchymal transition. *J Biol chem* 2007 Aug; 282 (32): 23337-23347
31. Kim KK, Kugler MC, Wolters PJ, Robillard L, Galvez MG, Brummwell AN, Sheppard D, Chapman HA. Alveolar epithelial cell mesenchymal transition develops in vivo during pulmonary fibrosis and is regulated by the extracellular matrix. *Proc Natl Acad Sci USA* 2006 Aug 29; 103(35): 12180-5
32. Zeisberg EM, Tarnavski O, Zeisberg M, Dorfman AL, McMullen JR, Gustafsson E, Chandraker A, Yuan X, Pu WT, Roberts AB, Neilson EG, Sayagh MH, Izumo S, Kalluri R. Endothelial-to-mesenchymal

- transition contributes to cardiac fibrosis. *Nat Med* 2007 Aug; 13(8): 952-61
33. Zeisberg EM, Potenta SE, Sugimoto H, Zeisberg M, Kalluri R. Fibroblasts in kidney fibrosis emerge via endothelial-to-mesenchymal transition. *J Am Soc Nephrol* 2008 Dec; 19(12): 2282-7
 34. Yáñez-Mo M, Lara-Pezzi E, Selgas R, Ramírez-Huesca M, Domínguez-Jiménez C, Jiménez-Heffernan JA, Aguilera A, Sánchez-Tomero JA, Bajo MA, Álvarez V, Castro MA, del Peso G, Cirujeda A, Gamallo C, Sánchez-Madrid F, López-Cabrera M. Peritoneal dialysis and epithelial-to-mesenchymal transition of mesothelial cells. *N Engl J Med* 2003 Jan 30; 348(5): 403-13
 35. Geiger TR, Peeper DS. Metastasis mechanisms. *Biochim Biophys Acta* 2009 Dec; 179(2): 293-308
 36. Gout S, Huot J. Role of cancer microenvironment in metastasis: focus on colon cancer. *Cancer Microenviron* 2008 Dec; 1(1): 69-83
 37. Barrallo-Gimeno A, Nieto MA. The snail genes as inducers of cell movement and survival: implications in development and cancer. *Development* 2005 Jul; 132(14): 3151-61
 38. Yang AD, Fan F, Camp ER, van Buren G, Liu WW, Somcio R, Gray MJ, Cheng H, Hoff PM, Ellis LM. Chronic oxaliplatin resistance induces epithelial-to-mesenchymal transition in colorectal cancer cell lines. *Clin Cancer Res* 2006 Jul 15; 12(14 Pt 1): 4147-53
 39. Kajiyawa H, Shibata K, Terauchi M, Yamashita M, Ino K, Nawa A, Kikkawa F. Chemoresistance to paclitaxel induces epithelial-mesenchymal transition and enhances metastatic potential for epithelial ovarian carcinoma cells. *Int J Oncol* 2007 Aug; 31(2): 277-83
 40. Cochrane DR, Spoelstra NS, Howe EN, Nordeen SK, Richer JK. MicroRNA-200c mitigates invasiveness and restores sensitivity to microtubule-targeting chemotherapeutics agents. *Mol Cancer Ther* 2009 May; 8(5): 1055-66
 41. Paltridge JL, Belle L, Khew-Goodall Y. The secretome in cancer progression. *Biochim Biophys Acta* 2013 Mar 27. pii: S1570-9639(13)00127-1

42. Kalluri R, Weinberg RA. The basics of epithelial-mesenchymal transition. *J Clin Invest* 2009 Jun; 119(6): 1420-8
43. Zeisberg M, Neilson EG. Biomarkers for epithelial-mesenchymal transitions. *J Clin Invest* 2009 Jun; 119(6): 1429-37
44. Yung S, Li FK, Chan TM. Peritoneal mesothelial cell culture and biology. *Perit Dial Int* 2006 Mar-Apr; 26(2): 162-73
45. Yung S, Chan TM. Intrinsic cells: mesothelial cells – central players in regulatory inflammation and resolution. *Perit Dial Int* 2009 Feb; 29 Suppl2: S21-7
46. Mutsaers SE. The mesothelial cell. *Int J Biochem Cell Biol* 2004 Jan; 36(1): 162-73
47. Whitaker D, Papadimitriou JM, Walters MN. The mesothelium and its reactions: a review. *Crit Rev Toxicol* 1982; 10: 81-144
48. Minot CS. A sketch of comparative embryology. *Am Nat* 1880; 14: 871-80
49. Ferrandez-Izquierdo A, Navarro-Fos S, Gonzalez-Devesa M, Gil-Benso R, Llombert-Bosch A. Immunocytochemical typification of mesothelial cells in effusions: in vivo and in vitro models. *Diagn Cytopathol* 1994; 10(3): 256-62
50. Van Hinsberg VW, Kooistra T, Scheffer MA, Hajo van Bockel J, van Muijen GW. Characterization and fibrinolytic properties of human omental tissue mesothelial cells. Comparison with endothelial cells. *Blood* 1990 Apr; 75(7): 1490-7
51. Andrews PM, Porter KR. The ultrastructural morphology and possible functional significance of mesothelial microvilli. *Anat Rec* 1973 Nov; 177(3): 409-26
52. Madison LD, Bergstrom-Porter B, Torres AR, Shelton E. Regulation of surface topography of mouse peritoneal cells. Formation of microvilli and vesiculated pits on omental mesothelial cells by serum and other proteins. *J Cell Biol* 1979 Sep; 82(3): 783-97
53. Bird SD. Mesothelial primary cilia of peritoneal and other serosal surfaces. *Cell Biol Int* 2004; 282(2): 151-9
54. Di Paolo N, Sacchi G. Atlas of peritoneal histology. *Perit dial Int* 2000; 20 Suppl3: S5-96

55. Robinson B. The peritoneum. 1897 WT Keener Co, Chicago, p13
56. Cunliffe WJ, Sugarbaker PH. Gastrointestinal malignancy: rationale for adjuvant therapy using early postoperative intraperitoneal chemotherapy. *Br J Surg* 1989 Oct; 76(10): 1092-90
57. Ohtani O, Ohtani Y, Li RX. Phylogeny and ontogeny of the lymphatic stomata connecting the pleural and peritoneal cavities with the lymphatic system- a review. *Ital J Anat Embryol* 2001; 106 (2 Suppl1): 251-9
58. Visser CE, Tekstra J, Brouwer-Steenbergen JJ, Tuk CW, Boorsma DM, Sampat-Sardjoepersad SC, Meijer S, Krediet RT, Beelen RH. Chemokines produced by mesothelial cells: huGRO-alpha, IP-10, MCP-1 and RANTES. *Clin Exp Immunol* 1998 May; 112(2); 270-5
59. Liberek T, Topley N, Luttmann W, Williams JD. Adherence of neutrophil to human peritoneal mesothelial cells: role of intercellular adhesion molecule-1. *J Am Soc Nephrol* 1996 Feb; 7(2): 208-17
60. Homdahl L. The role of fibrinolysis in adhesion formation. *Eur J Surg Suppl* 1997; (577): 24-31
61. Sulaiman H, Gabella G, Davis MSc C, Mutsaers SE, Boulos P. Laurent GJ, Herrick SE. Presence and distribution of sensory nerve fibers in human peritoneal adhesions. *Ann Surg* 2001 Aug; 234(2): 265-61
62. Piorry PA, Lhéritier SD. *Traité des altérations du sang*. 1840. Paris, France: Bury & JB Bailliere.
63. Fenton SS, Schaubel DE, Desmeules M, Morrison HI, Mao Y, Copleston P, Jeffery JR, Kiellstrand CM. Hemodialysis versus peritoneal dialysis: a comparison of adjusted mortality rates. *Am J Kidney Dis* 1997 Sep; 30(3): 334-42
64. Pyper RA. Peritoneal dialysis. *Ulster Med J* 1948 Nov; 17(2): 179-87
65. Yung S, Chan TM. Peritoneal proteoglycans: much more than ground substance. *Perit Dial Int* 2007 Jul-Aug; 27(4): 375-90
66. Chaimovitz C. Peritoneal dialysis. *Kidney Int* 1994 Apr; 45(4): 1226-40
67. Aguilera A, Yáñez-Mo M, Selgas R, Sánchez-Madrid F, López-Cabrera M. Epithelial to mesenchymal transition as a triggering factor

- of peritoneal membrane fibrosis and angiogenesis in peritoneal dialysis patients. *Curr Opin Investig Drugs* 2005 Mar; 6(3): 262-8
68. Dobbie JW. Pathogenesis of peritoneal fibrosis syndromes (sclerosing peritonitis) in peritoneal dialysis. *Perit Dial Int* 1992; 12(1): 14-27
69. Williams JD, Craig KJ, Topley N, Von Ruhland C, Fallon M, Newman GR, Mackenzie RK, Williams GR; Peritoneal Biopsy Study Group. Morphologic change in the peritoneal membrane of patients with renal disease. *J Am Soc Nephrol* 2002 Feb; 13(2): 470-9
70. Mateijsen MA, van der Wal AC, Hendriks PM, Zweers MM, Mulder J, Struijk DG, Krediet RT. Vascular and intestinal changes in the peritoneum of CAPD patients with peritoneal sclerosis. *Perit Dial Int* 1999 Nov-Dec; 19(6): 517-25
71. Krediet RT. The peritoneal membrane in chronic peritoneal dialysis. *Kidney Int* 1999 Jan; 55(1): 341-56
72. Boulanger E, Wautier MP, Gane P, Mariette C, Devuyst O, Wautier JL. The triggering of human peritoneal mesothelial cell apoptosis and oncosis by glucose and glycoxydation products. *Nephrol Dial Transplant* 2004 Sep; 19(9): 2208-16
73. Topley N, Liberek T, Davenport A, Li FK, Fear H, Williams JD. Activation of inflammation and leukocyte recruitment into the peritoneal cavity. *Kidney Int Suppl* 1996 Nov; 56: S17-21
74. Lai KN, Lai KB, Lam CW, Chan TM, Li FK, Leung JC. Changes of cytokine profiles during peritonitis in patients on continuous ambulatory peritoneal dialysis. *Am j Kidney Dis* 2000 Apr; 35(4): 644-52
75. Sakamoto N, Sugimura K, Kawashima H, Tsuchida K, Takemoto Y, Naganuma T, Tatsumi S, Nakatani T. Influence of glucose and inflammatory cytokines on TGF-beta1 and CTGF mRNA expressions in human peritoneal mesothelial cells. *Int J Mol Med* 2005 Jun; 15(6): 907-11
76. Welten AG, Schalkwijk CG, ter Wee PM, Meijer S, van der Born J, Beelen RJ. Single exposure of mesothelial cells to glucose degradation products (GDPs) yields early advanced glycation end-

- products (AGEs) and a proinflammatory response. *Perit Dial Int* 2003 May-Jun; 23(3): 213-21
77. Ha H, Cha MK, Choi HN, Lee HB. Effects of peritoneal dialysis solutions on the secretion of growth factors and extracellular matrix proteins by human peritoneal mesothelial cells. *Perit Dial Int* 2002 Mar-Apr; 22(2): 1771-7
78. Inagi R, Miyata T, Yamamoto T, Suzuki D, Urakami K, Saito A, van Ypersele de Strihou C, Kurokawa K. Glucose degradation product methylglyoxal enhances the production of vascular growth factor in peritoneal cells: role in the functional and morphological alterations of peritoneal membrane in peritoneal dialysis. *FEBS Lett* 1999 Dec 17; 463(3): 260-4
79. Schewenger V, Morath C, Salava A, Amann K, Seregin Y, Deppisch R, Ritz E, Bierhaus A, Nawroth PP, Zeier M. Damage to the peritoneal membrane by glucose degradation products is mediated by the receptor for advanced glycation end-products. *J Am Soc Nephrol* 2006 Jan; 17(1): 199-207
80. Glik A, Douvdevani A. T lymphocytes: the "cellular" arm of acquired immunity in the peritoneum. *Perit Dial Int* 2006 Jul-Aug; 26(4): 348-48
81. Schmidt AM, Hori O, Cao R, Yan SD, Brett J, Wautier JL, Ogawa S, Kuwabara K, Matsumoto M, Stern D. RAGE: a novel cellular receptor for advanced glycation end products. *Diabetes* 1996 Jul 45: Suppl3: S77-80
82. Boulanger E, Wautier MP, Wautier JL, Boval B, Panis Y, Wernert N, Danze PM, Deguidt P. AGEs bind to mesothelial cells via RAGE and stimulate VCAM-1 expression. *Kidney Int* 2002 Jan; 61(1): 148-56
83. Hou FF, Jiang JP, Guo JQ, Wang GB, Zhang X, Stern DM, Schmidt AM, Owen WF Jr. Receptor for advanced glycation end products on human synovial fibroblasts: role in the pathogenesis of dialysis-related amyloidosis. *J Am Soc Nephrol* 2002 May; 13(5): 1296-306
84. Boulanger E, Grossing N, Wautier MP, Taamma R, Wautier JL. Mesothelial RAGE activation by AGEs enhances VEGF release and potentiates capillary tube formation. *Kidney Int* 2007 Jan; 71(2): 126-33

85. De Vriese AS, Tilton RG, Mortier S, Lameire NH. Myofibroblast transdifferentiation of mesothelial cells is mediated by RAGE and contributes to peritoneal fibrosis in uraemia. *Nephrol Dial Transplant* 2006 Sep; 21(9): 2549-55.
86. Simm A, Münch G, Seif F, Schenk O, Heidland A, Richter H, Vamvakas S, Schinzel R. Advance glycation endproducts stimulate the MAP-kinase pathway in tubulus cell line LLC-PK1. *FEBS Lett* 1997 Jun 30; 410(2-3): 481-4
87. Ashida N, Araj H, Yamasaki M, Kita T. Distinct signaling pathways for MCP-1-dependent integrin activation and chemotaxis. *J Biol Chem* 2001 May; 276(19): 16555-60
88. Guijarro C, Egido J. Transcription factor-kappa B (NF-kappa B) and renal disease. *Kidney Int* 2001 Feb; 59(2): 415-24
89. Selzman CH, Shames BD, Reznikov LL, Miller SA, Meng X, Barton HA, Werman A, Harken AH, Dinarello CA, Banerjee A. Liposomal delivery of purified inhibitory- κ B α inhibits tumor necrosis factor- α -induced human vascular smooth muscle proliferation. *Circ Res* 1999 Apr 30; 84(8): 867-75
90. Erl W, Hansson GK, de Martin R, Draude G, Weber KS, Weber C. Nuclear factor-kappa B regulates induction of apoptosis and inhibitor of apoptosis protein-1 expression in vascular smooth muscle cells. *Circ Res* 1999 Apr 2; 84(6): 668-77
91. Shanmugam N, Kim YS, Lanting L, Natarajan R. Regulation of cyclooxygenase-2 expression in monocytes by ligation of the receptor for advanced glycation end products. *J Biol Chem* 2003 Sep 12; 278(37): 34834-44
92. Aroeira LS, Lara-Pezzi E, Loureiro J, Aguilera A, Ramírez-Huesca M, González-Maturo G, Pérez-Lozano ML, Albar-Vizcaíno P, Bajo MA, del Peso G, Sánchez-Tomero JA, Jiménez-Heffernan JA, Selgas R, López-Cabrera M. Cyclooxygenase-2 mediates dialysate-induced alterations of the peritoneal membrane. *J Am Soc Nephrol* 2009 Mar; 20(3): 582-92
93. Turini ME, DuBois RN. Cyclooxygenase-2: a therapeutic target. *Annu Rev Med* 2002; 53: 35-57

94. Zareie M, Keuning ED, ter Wee PM, Schalkwijk CG, Beelen RH, van der Born J. Improved biocompatibility of bicarbonate/lactate-buffered PDF is not related to pH. *Nephrol Dial Transplant* 2006 Jan; 21(1): 208-16
95. Albrektsson A, Bazargani F, Wieslander A, Braide M. Peritoneal dialysis fluid-induced angiogenesis in rat mesentery is increased by lactate in the presence or absence of glucose. *ASAIO J* 2006 May-Jun; 52(3); 276-81
96. Margetts PJ, Bonniaud P. Basic mechanisms and clinical implications of peritoneal fibrosis. *Perit Dial Int* 2003 Nov-Dec; 23(6): 520-41
97. Beties MG, Visser CE, Zemel D, Tuk CW, Struijk DG, Krediet RT, Arisz L, Beelen RH. Intraperitoneal interleukin-8 and neutrophil in the initial phase of a CAPD peritonitis. *Perit Dial Int* 1996 Jul-Aug; 16(4): 385-92
98. McLoughlin R. Resolving peritoneal inflammation: flicking the right "switches". *Perit Dial Int* 2005 May-Jun; 25(3): 223-9
99. Brauner A, Hylander B, Wretling B. Tumor necrosis factor-alpha, interleukin-1 beta, and interleukin-1 receptor antagonist in dialysate and serum from patients on continuous ambulatory peritoneal dialysis.
100. Wang HH, Ling CY. Interleukin-12 and -18 levels in peritoneal dialysate effluent correlate with the outcome of peritonitis in patients undergoing peritoneal dialysis: implication of the Type I/Type II T-cell immune response. *Am J Kidney Dis* 2005 Aug; 46(2): 328-38
101. Tzianabos AO, Holsti MA, Zheng XX, Stucchi AF, Kuchroo VK, Strom TB, Glimcher LH. Cruikshank WW. Functional Th1 cells are required for surgical adhesion formation in a murine model. *J Immunol* 2008 May 15; 180(10): 6970-6
102. Yang AH, Chen JY, Lin JK. Myofibroblastic conversion of mesothelial cells. *Kidney Int* 2003 Apr; 63(4): 1530-9
103. Jiménez-Heffernan JA, Aguilera A, Aroeira LS, Lara-Pezzi E, Bajo MA, del Peso G, Ramírez M, Gamallo C, Sánchez-Tomero JA, Álvarez V, López-Cabrera M, Selgas R. Immunohistochemical characterization of fibroblast subpopulations in normal peritoneal tissue and in peritoneal dialysis-induced fibrosis. *Virchows Arch* 2004 Mar; 444(3): 247-56

104. Del Peso G, Jiménez-Heffernan JA, Bajo MA, Aroeira LS, Aguilera A, Fernández-Perpén A, Cirugeda A, Castro MJ, de Gracia R, Sánchez-Villanueva R, Sánchez-Tomero JA, López-Cabrera M, Selgas S. Epithelial-to-mesenchymal transition of mesothelial cells is an early event during peritoneal dialysis and is associated with high peritoneal transport. *Kidney Int Suppl* 2008 Apr; (108): S26-33
105. Aroeira LS, Aguilera A, Selgas R, Ramírez-Huesca M, Pérez-Lozano ML, Cirugeda A, Bajo MA, del Peso G, Sánchez-Tomero JA, Jiménez-Heffernan JA, López-Cabrera M. Mesenchymal conversion of mesothelial cells as a mechanism responsible for high solute transport rate in peritoneal dialysis: role of vascular endothelial growth factor. *Am J Kidney Dis* 2005 Nov; 46(5): 938-48
106. Zweers MM, de Waart DR, Smit W, Struijk DG, Krediet RT. Growth factors VEGF and TGF-beta1 in peritoneal dialysis. *J Lab Clin Med* 1999 Aug; 134(2): 124-32
107. Medina I, Carbonell J, Pulido L, Madeira SC, Goetz S, Conesa A, Tárraga J, Pacual-Montano A, Nogales-Cadenas R, Santoyo J, García F, Marbà M, Montaner D, Dopazo J. Babelomics: an integrative platform for the analysis of transcriptomics, proteomics and genomic data with advanced functional profiling. *Nucleic Acids Res* 2010 Jul; 38(Web Server issue):W210-3
108. Saeed AI, Sharow V, White J, Li J, Liang W, Bhagabati N, Braisted J, Klapa M, Currier T, Thiagarajan M, Sturn A, Snuffin M, Rezantsev A, Popow D, Ryltsov A, Kostukovich E, Borisovsky I, Liu Z, Vinsavich A, Trush V, Quackenbush J. TM4: a free, open-source system for microarray data management and analysis. *Biotechniques* 2003 Feb; 34(2):374-8
109. Huang DW, Sherman BT, Lempicki RA. Systematic and integrative analysis of large gene list using DAVID bioinformatic resources. *Nature Protoc* 2009; 4(1):44-57
110. Huang DW, Sherman BT, Lempicki RA. Bioinformatics enrichment tools: paths toward the comprehensive functional analysis of large gene list. *Nucleic Acids Res* 2009; 37(1):1-13

111. Philippova M, Joshi MR, Kyriakakis E, Pfaff D, Erne P, Resink T. A guide and guard: the many faces of T-cadherin. *Cell Signal* 2009 Jul; 21(7): 1035-44
112. Heikkien A, Tu H, Pihlajaniemi T. Collagen XIII: a type II transmembrane protein with relevance to musculoskeletal tissues, microvessels and inflammation. *Int J Biochem Cell Biol* 2012 May; 44(5): 714-7
113. Imai T, Hirahara I, Morishita Y, Onishi A, Inoue M, Muto S, Kusano E. DNA microarray analysis of the epithelial-mesenchymal transition of mesothelial cells in a rat model of peritoneal dialysis. *Adv Perit Dial* 2011; 27: 11-5
114. Reimold FR, Braun N, Zsengellér ZK, Stillman IE, Karamanchi SA, Toka HR, Latus J, Fritz P, Biegger D, Segerer S, Alschner MD, Bhasin MK, Alper SL. Transcriptional patterns in peritoneal tissue of encapsulating peritoneal sclerosis, a complication of chronic peritoneal dialysis. *PLoS One* 2013; 8(2): e56389
115. Büchel J, Bartosova M, Eich G, Wittenberger T, Klein-Hitpass L, Steppan S, Hackert T, Schaefer F, Passlick-Deetjen, Schmitt CP. Interference of peritoneal dialysis fluids with cell cycle mechanisms. *Perit Dial Int* 2014 Jul 31
116. Selgas R, Bajo A, Jiménez-Heffernan JA, Sánchez-Tomero JA, Del Peso G, Aguilera A, López-Cabrera M. Epithelial-to-mesenchymal transition of the mesothelial cell: its role in the response of the peritoneum to dialysis. *Nephrol Dial Transplant* 2006 Jul; 21 Suppl 2:ii2-7
117. López-Cabrera M. Mesenchymal conversion of mesothelial cells is a key event in the pathophysiology of the peritoneum during peritoneal dialysis. *Advances in Medicine* 2014. Volume 2014
118. Pérez-Lozano ML, Sandoval P, Rynne-Vidal A, Aguilera A, Jiménez-Heffernan JA, Albar-Vizcaíno P, Majano PL, Sánchez-Tomero JA, Selgas R, López-Cabrera M. Functional relevance of the switch of VEGF receptors/co-receptors during peritoneal dialysis-induces mesothelial to mesenchymal transition. *PLoS One* 2013 Apr 9; 8(4): e60776

119. Shang Z, Cai Q, Zhang M, Zhu S, Ma Y, Sun L, Jiang N, Tian J, Niu X, Chen J, Sun Y, Niu Y. A switch from CD44+ cell to EMT cell drives the metastasis of prostate cancer. *Oncotarget* 2014 Nov 25
120. Yu Z, Pestell TG, Lisanti MP, Pestell RG. Cancer stem cells. *Int J Biochem Cell Biol* 2013 Dec; 44(12): 2144-51
121. Lankford L, Selby T, Becker J, Ryzhuv V, Long C, Farmer D, Wang A. Early gestation chorionic villi-derived stromal cells for fetal tissue engineering. *World J Stem Cells* 2015 Jan 26; 7(1): 195-207
122. Kyurkchiev D, Bochev I, Ivanova-Todorova E, Mourdjeva M, Oreshkova T, Belemezova K, Kyurkchiev S. Secretion of immunoregulatory cytokines by mesenchymal stem cells. *World J Stem Cells* 2014 Nov 26; 6(5): 552-70
123. Berx G, van Roy F. Involvement of members of the cadherin superfamily in cancer. *Cold Spring Harb Perspect Biol* 2009 Dec; 1(6): a003129
124. Andreeva AV, Kutuzov MA. Cadherin 13 in cancer. *Genes Chromosomes Cancer* 2010 Sep; 49(9): 775-90
125. Ciatto C, Bahna F, Zampieri N, VanSteenhouse HC, Katsamba PS, Ahlsen G, Harrison OJ, Brasch J, Jin X, Posy S, Vendome J, Ranscht B, Jessell TM, Honig B, Shapiro L. T-cadherin structures reveal a novel adhesive binding mechanism. *Nat Struct Mol Biol* 2010 Mar; 17(3): 339-47
126. Hug C, Wang J, Ahmad NS, Bogan JS, Tsao TS, Lodish HF. T-cadherin is a receptor for hexameric and high-molecular-weight forms of Acrp30/adiponectin. *Proc Natl Acad Sci USA* 2004 Jul 13; 101(28): 10308-13
127. Fantuzzi G. Adiponectin in inflammatory and immune-mediated diseases. *Cytokine* 2013 oct; 64(1): 1-10
128. Denzel MS, Scima MC, Zumstein PM, Walsh K, Ruiz-Lozano P, Ranscht B. T-cadherin is critical for adiponectin-mediated cardioprotection in mice. *J Clin Invest* 2010 Dec; 120(12): 4342-52
129. Baldock C, Sherratt MJ, Shuttleworth CA, Kielty CM. The supramolecular organization of collagen VI microfibrils. *J Mol Biol* 2003 Jul 4; 330(2): 297-307

130. Pan TC, Zhang RZ, Markova D, Arita M, Zhang Y, Bogdanovich S, Khurana TS, Bönnemann CG, Birk DE, Chu ML. COL6A3 protein deficiency in mice leads to muscle and tendon defects similar to human collagen VI congenital muscular dystrophy. *J Biol Chem* 2013 May 17; 288(20): 14320-31
131. Park J, Scherer PE. Adipocyte-derived endotrophin promote malignant tumor progression. *J Clin Invest* 2012 Nov 1; 122(11): 4243-56
132. Park J, Scherer PE. Endotrophin- a novel factor linking obesity with aggressive tumor growth. *Oncotarget* 2012 Dec; 3(12): 1487-8
133. Park J, Scherer PE. Endotrophin in the tumor stroma: a new therapeutic target for breast cancer? *Expert Rev Anticancer Ther* 2013 Feb; 13(2): 111-3
134. Park J, Morley TS, Scherer PE. Inhibition of endotrophin, a cleavage product of collagen VI, confers cisplatin sensitivity to tumours. *EMBO Mol Med* 2013 Jun; 5(6): 935-48
135. Sun K, Park J, Gupta OT, Holland WL, Auerbach P, Zhang N, Goncalves Marangoni R, Nicolara SM, Czech MP, Varga J, Ploug T, An Z, Scherer PE. Endotrophin triggers adipose tissue fibrosis and metabolic dysfunction. *Nat Commun* 20214 Mar 19; 5: 3485
136. Karousou E, D'Angelo ML, Kouvidi K, Vigetti D, Viola M, Nikitovic D, De Luca G, Passi A. Collagen VI and hyaluronan: the common role in breast cancer. *Biomed Res Int* 2014; 2014:606458
137. Väisänen MR, Väisänen T, Pihlajaniemi T. The shed ectodomain of type XIII collagen affects cell behavior in a matrix-dependent manner. *Biochem J* 2004 Jun 14; 380(Pt 3): 685-93
138. Väisänen T, Väisänen MR, Autio-Harmainen H, Pihlajaniemi T. Type XIII collagen expression is induced during malignant transformation in various epithelial and mesenchymal tumours. *J Pathol* 2005 Nov; 207(3): 324-35
139. Dennis J, Meehan DT, Delimont D, Zallocchi M, Perry GA, O'Brien S, Tu H, Pihlajaniemi T, Cosgrove D. Collagen XIII induced in vascular endothelium mediates $\alpha 1 \beta 1$ integrin-dependent transmigration of monocytes in renal fibrosis. *Am J Pathol* 2010 Nov; 177(5): 2527-40

140. Heikkinen A, Tu H, Pihlajaniemi T. Collagen XIII: a type II transmembrane protein with relevance to musculoskeletal tissues, microvessels and inflammation. *Int J Biochem Cell Biol* 2013 May; 44(5): 714-7
141. Mitola S, Ravelli C, Moroni E, Salvi V, Leali D, Ballmer-Hofer K, Zammataro L, Presta M. Gremlin is a novel agonist of the major proangiogenic receptor VEGFR2. *Blood* 2010 Nov 4; 116(18): 3677-80
142. Kim M, Yoon S, Lee S, Ha SA, Kim HK, Kim JW, Chung J. Gremlin-1 induces BMP-independent tumor cell proliferation, migration, and invasion. *PLoS One* 2012; 7(4): e35100
143. Siddique I, Curran SP, Ghayur A, Liu L, Shi W, Hoff CM, Gangji AS, Brimble KS, Margetts PJ. Gremlin promotes peritoneal membrane injury in an experimental mouse model and is associated with increased solute transport in peritoneal dialysis patients. *Am J Pathol* 2014 Nov; 184(11): 2976-84
144. Rodrigues-Diez R, Lavozy C, Carvajal G, Rayego-Mateos S, Rodrigues-Diez RR, Ortiz A, Egido J, Mezzano S, Ruiz-Ortega M. Gremlin is a downstream profibrotic mediator of transforming growth factor-beta in cultured renal cells. *Nephron Exp Nephrol* 2012; 122(1-2): 62-74
145. Cayrol C, Girard JP. IL-33: an alarmin cytokine with crucial roles in innate immunity, inflammation and allergy. *Curr Opin Immunol* 2014 Dec; 31: 31-7
146. Saluja R, Ketelaar ME, Hawro T, Church MK, Maurer M, Nawjin MC. The role of the IL-33/IL-1RL1 axis in mast cell and basophil activation in allergic disorders. *Mol Immunol* 2015 Jan; 63(1): 80-5
147. Pain M, Bermudez O, Lacoste P, Royer PJ, Botturi K, Tissot A, Brouard S, Eickelberg O, Magnan A. Tissue remodeling in chronic bronchial diseases: from the epithelial to mesenchymal phenotype. *Eur Respir Rev* 2014 Mar 1; 23(131): 118-30
148. Loureiro J, Aguilera A, Selgas R, Sandoval P, Albar-Vizcaíno P, Pérez-Lozano ML, Ruiz-Carpio V, Majano PL, Lamas S, Rodríguez-Pascual F, Borrás-Cuesta F, Dotor J, López-Cabrera M. Blocking

- TGF- β 1 protects the peritoneal membrane from dialysate-induced damage. *J Am Soc Nephrol* 2011 Sep; 22(9): 1682-95
149. Chang TH, Huang HD, Ong WK, Fu YJ, Lee OK, Chien S, Ho JH. The effects of actin cytoskeleton perturbation on keratin intermediate filament formation in mesenchymal stem/stromal cells. *Biomaterials* 2014 Apr; 35(13): 3934-44
 150. Hirahara I, Inoue M, Okuda K, Ando Y, Muto S, Kusano E. The potential of matrix metalloproteinase-2 as a marker of peritoneal injury increased solute transport, or progression to encapsulating peritoneal sclerosis during peritoneal dialysis- a multicenter study in Japan. *Nephrol Dial transplant* 2007 Feb; 22(2): 560-7
 151. Hirahara I, Inoue M, Unimo T, Saito O, Muto S, Kusano E. Matrix metalloproteinase levels in the drained dialysate reflect the peritoneal solute transport rate: a multicentre study in Japan. *Nephrol Dial Transplant* 2011 May; 26(5): 1695-701
 152. Qu Y, Dang S, Hou P. Gene methylation in gastric cancer. *Clin Chim Acta* 2013 Sep; 424: 53-65
 153. Foroni L, Vasuri F, Valente S, Gualandi C, Focarete ML, Caprara G, Scandola M, D'Errico-Grigioni A, Pasquinelli G. The role of 3D microenviromental organization in MCF-7 epithelial-mesenchymal transition after 7 culture days. *Exp Cell Res* 2013 Jun 10; 319(10): 1515-22
 154. Adams JC, Lawler J. The thrombospondins. *Int J Biochem Cell Biol* 2004 Jun; 36(6): 961-8
 155. Adams JC, Lawler J. The thrombospondins. *Cold Spring Harb Perspect Biol* 2011 Oct 1; 3(10): a009712
 156. Lawler PR, Lawler J. Molecular basis for the regulation of angiogenesis by thrombospondin-1 and -2. *Cold Spring Harb Perspect Med* 2012 May; 2(5): a006627
 157. BenEzra D, Griffin BW, Maftzir G, Aharonov O. Thrombospondin and in vivo angiogenesis induced by basic fibroblast growth factor or lipopolysaccharide. *Invest Ophthalmol Vis Sci* 1993 Dec; 34(13): 3601-8

158. Nicosia RF, Tuszynski GP. Matrix-bound thrombospondin promotes angiogenesis in vitro. *J Cell Biol* 1994 Jan; 124(1-2): 183-93
159. Sweetwyne MT, Murphy-Ullrich JE. Thrombospondin1 in tissue repair and fibrosis: TGF- β -dependent and independent mechanisms. *Matrix Biol* 2012 Apr; 31(3): 178-86
160. Mikula-Pietrasik J, Sosinka P, Janus J, Rubis B, Brewinska-Olchowik M, Piwochka K, Ksiazek K. Bystander senescence in human peritoneal mesothelium and fibroblasts is related to thombospondin-1-dependent activation of transforming growth factor- β 1. *Int J Biochem Cell Biol* 2013 Sep; 45(9): 2087-96
161. Reimold FR, Braun N, Zsengellér ZK, Stillman IE, Karumanchi SA, Toka HR, Latus J, Fritz P, Biegger D, Segerer S, Alscher MD, Bhasin MK, Alper SL. Transcriptional patterns in peritoneal tissue of encapsulating peritoneal sclerosis, a complication of chronic peritoneal dialysis. *Plos One* 2013; 8(2): e5689
162. Ferrara N, Gerber HP, LeCouter J. The biology of VEGF and its receptors. *Nat Med* 2003 Jun; 9(6): 669-76
163. Pecoits-Filho R, Araújo MR, Lindholm B, Stenvinkel P, Abensur H, Romão JE Jr, Marcondes M, De Oliveira AH, Noronha IL. Plasma and dialysate IL-6 and VEGF concentrations are associated with high peritoneal solute transport rate. *Nephrol Dial Transplant* 2002 Aug; 18(8): 1480-6.
164. Zweers MM, Strujik DG, Smit W, Krediet RT. Vascular endothelial growth factor in peritoneal dialysis: a longitudinal follow-up. *Lab Clin Med* 2001 Feb; 137(2): 125-32
165. Devuyst O, Yool AJ. Aquaporin-1: new developments and perspectives for peritoneal dialysis. *Perit Dial Int* 2010 Mar-Apr; 30(2): 135-1
166. Devuyst O, Margetts PJ, Topley N. The pathophysiology of the peritoneal membrane. *J Am Soc Nephrol* 2010 Jul; 21(7): 1077-85
167. Devuyst O, Rippe B. Water transport across the peritoneal membrane. *Kidney Int* 2014 Apr; 85(4): 750-8
168. Vargha R, Endemann M, Kratochwill K, Riesenhuber A, Wick N, Krachler AM, Malaga-Dieguez L, Aufricht C. Ex vivo reversal of in vivo

- transdifferentiation in mesothelial cells grown from peritoneal dialysate effluents. *Nephrol Dial Transplant* 2006 Oct; 21(10): 2943-7
169. Loureiro J, Schilte M, Aguilera A, Albar-Vizcaíno P, Ramírez-Huesca M, Pérez-Lozano ML, González-Mateo G, Aroeira LS, Selgas R, Mendoza L, Ortiz A, Ruíz-Ortega M, van den Born J, Beelen RH, López-Cabrera M. BMP-7 blocks mesenchymal conversion of mesothelial cells and prevents peritoneal damage induced by dialysis fluid exposure. *Nephrol Dial Transplant* 2010 Apr; 25(4): 1098-108
 170. López-Cabrera M, Aguilera A, Aroeira LS, Ramírez-Huesca M, Pérez-Lozano ML, Jiménez-Heffernan JA, Bajo MA, del Peso G, Sánchez-Tomero JA, Selgas R. Ex vivo analysis of dialysis effluent-derived mesothelial cells as an approach to unveiling the mechanism of peritoneal membrane failure. *Perit Dial Int* 2006 Jan-Feb; 26(1): 26-34
 171. Masoumi Moghaddam S, Amini A, Morris DL, Pourgholami MH. Significance of vascular endothelial growth factor in growth and peritoneal dissemination of ovarian cancer. *Cancer Metastasis Rev* 2012 Jun; 31(1-2): 143-62
 172. Conway EM. Thrombomodulin and its role in inflammation. *Semin Immunopathol* 2012 Jan; 34(1): 107-25
 173. Bajo MA, Pérez-Lozano ML, Albar-Vizcaino P, del Peso G, Castro MJ, Gonzalez-Mateo G, Fernández-Perpén A, Aguilera A, Sánchez-Villanueva R, Sánchez-Tomero Ja, López-Cabrera M, Peter ME, Passlick-Deetjen J, Selgas R. Low-GDP peritoneal dialysis fluid ("balance") has less impact in vitro and ex vivo on epithelial-to-mesenchymal transition (EMT) of mesothelial cells than a standard fluid. *Nephrol Dial Transplant* 2011 Jan; 26(1): 282-91
 174. Fernández-Perpén A, Pérez-Lozano ML, Bajo MA, Albar-Vizcaino P, Sandoval-Correa P, del Peso G, Castro MJ, Aguilera A, Ossorio M, Peter ME, Passlick-Deetjen J, Aroeira LS, Selgas R, López-Cabrera M, Sánchez-Tomero JA. Influence of bicarbonate/low-GDP peritoneal dialysis fluid (BicaVera) on in vitro and ex vivo epithelial-to-mesenchymal transition of mesothelial cells. *Perit Dial Int* 2010 May-Jun; 32(3): 292-304

175. Bornstein P. Thrombospondins function as regulators of angiogenesis.
J Cell Commun Signal 2009 Dec; 3(3-4): 189-200

ANEXO 1:
Validación técnica de los
microarrays

1. RESULTADOS DE LAS VALIDACIONES TÉCNICAS DE LOS MICROARRAYS

Los primeros resultados que se obtuvieron en estos estudios estuvieron orientados a la validación y correcta aplicación de las distintas técnicas empleadas, así como en determinar la calidad de las muestras y del trabajo realizado.

Como se demuestra a continuación, todas las muestras, tanto las obtenidas de omentos como de pacientes en diálisis peritoneal, presentaban una calidad adecuada para los estudios de microarrays y todas las técnicas fueron llevadas a cabo de forma correcta y pertinente.

1.1. ESTUDIOS “*in vitro*”

Todos los cultivos de células de omento lisados en Pharmakine S.L. tuvieron una concentración superior a 2 µg/µl en todas las muestras y la integridad, medida mediante el ratio 28S/18S, fue superior a 1,7. Mediante electroforesis capilar en Bioanalyzer 2100 (Agilent Technologies) se evaluó la calidad del ARN marcado. En todos los casos se encontró que la concentración obtenida fue superior a 180 ng/µl y la actividad específica se encontraba dentro del rango de 10-20 pg fluorocromo/mg de ARN.

En la hibridación 251239148101 se encontró que tenía un porcentaje de intensidad en el percentil 99 más bajo que el resto de las hibridaciones, 16.000 frente a 20-30.000 del resto, siendo también el número de puntos rojos y verdes detectados inferior respecto los demás casos, aproximadamente 2.000 frente a los 5.000 detectados en su réplica. También se encontró un menor número de puntos detectados, respecto a su réplica, en la hibridación 251239151478, 4.000 puntos frente a 6.000 (Ver Tabla 5 en Materiales y Métodos).

1.2. ESTUDIOS “ex vivo”

1.2.1. VALIDACIONES DE LOS CONTROLES DE OMENTO

Los datos obtenidos al determinar la cantidad y calidad de los ARNs utilizados para la formación de un pool control, mediante Bioanalyzer 2100, fueron (Tabla 27):

Muestra	Bioanalyzer 2100		
	RIN	ng/μl	28S/18S
Omento 1	9,9	585	1,6
Omento 2	9,9	829	2
Omento 3	10	435	2
Omento 4	9,6	679	1,7

Tabla 27: Resultados obtenidos al medir la calidad y cantidad de los ARNs usados como control en los estudios “ex vivo”.

Muestra	ARNt de partida (ng)	ARNc (ng/μl)	ARNc total (ng)	Actividad Específica (pmol/μg)
Control 1-Cy5	585	298,20	8.051,40	16,33
Control 2-Cy3	829	587,50	15.862,50	11,83
Control 2-Cy5	829	503,81	13.602,87	16,04
Control 3-Cy5	435	466,36	12.591,72	16,43
Control 4-Cy3	679	637,85	17.221,95	12,76
Control 4-Cy5	679	453,14	12.234,78	16,09

Tabla 28: Resultado de marcaje y amplificación de las muestras control en los estudios “ex vivo”. Las muestras señaladas en rojo fueron marcadas con Cy5 y en verde con Cy3.

Al evaluar el rendimiento y la actividad específica de cada fluoróforo en las muestras utilizadas para la formación del pool de omentos control, se obtuvieron los resultados mostrados en la Tabla 28.

Dado que se dio una concordancia aceptable (40% y 60%) entre las hibridaciones tanto directas como inversas entre los genes sobre-expresados e infra-expresados, se utilizó una sola hibridación para evaluar la variabilidad interindividual de los controles. Aun así, para aumentar la confianza estadística, las muestras procedentes de los pacientes se hibridaron por duplicado (directa e inversa), siendo el resultado combinado de ambas el utilizado en el análisis y la selección de genes.

Mediante el programa Genespring se determinó el número de genes diferencialmente expresados en los Omentos 1, 3, y 4 respecto al Omento 2. Dado que las diferencias transcripcionales entre los distintos omentos no superaban el 5% (Tabla 29, columna de % Genes alterados), se aceptó que la variabilidad interindividual entre ellos era baja y se podrían utilizar para la formación de un pool equimolecular que sería utilizada como control en los estudios “ex vivo”.

Hibridaciones	Alteraciones Transcripcionales				
	Genes inducidos	% Genes inducidos	Genes reprimidos	% Genes reprimidos	% Genes alterados
Omento 1 vs Omento 2	1201	2,92	202	0,49	3,41
Omento 3 vs Omento 2	570	1,39	148	0,36	1,75
Omento 4 vs Omento 2	648	1,58	238	0,58	2,16

Tabla 29: Variabilidad interindividual de los controles de omento. Todas las muestras presentan un porcentaje de variación respecto al omento 2 menor del 5%, por lo que son muestras aceptablemente homogéneas. Inducido, $\text{ratio} \geq 2$; reprimido, $\text{ratio} \leq 0,5$.

1.2.2. VALIDACIONES DE LAS MUESTRAS DE PACIENTES EN DIÁLISIS PERITONEAL

Los resultados obtenidos en la evaluación y el rendimiento de los fluoróforos, así como de la cantidad de ARN enviado a Pharmakine S.L. fue la siguiente (Tabla 30):

Muestra	Fenotipo celular	ARN (ng/μl) en 20 μl	A260/A280	Bioanalyzer		
				RIN	ng/μl	28S/18S
Pool	Omento	_____	_____	10	427	2
HLP1	Epitelioide	1196,6	1,7	9,6	522	1,7
HLP2	Epitelioide	268,94	1,84	9,7	78	1,7
HLP3	Epitelioide	733,38	1,67	9,3	347	1,7
HLP6	Epitelioide	1066,31	1,7	9,9	333	1,6
HLP7	Epitelioide	1259,22	1,91	9,4	685	1,6
HLP8	Epitelioide	983,95	1,58	9,8	161	1,7
HLP15	Epitelioide	336,53	1,98	9,4	285	1,7
HLP17	Epitelioide	674,3	1,83	9,6	420	1,9
HLP19	Epitelioide	800,57	2,06	9,7	400	1,9
HLP5	No Epitelioide	1348,73	1,5	9,5	86	1,8
HLP10	No Epitelioide	1051,09	1,68	9,6	286	1,8
HLP11	No Epitelioide	421,89	2	9,5	328	1,7
HLP12	No Epitelioide	727,02	1,94	9,4	583	1,7
HLP13	No Epitelioide	339,32	1,96	9,5	230	1,7
HLP14	No Epitelioide	131,95	1,87	9	89	1,5
HLP20	No Epitelioide	315,71	1,98	9,6	405	2
HLP22	No Epitelioide	511,26	1,99	9,6	435	1,7
HLP23	No Epitelioide	462,91	2,01	9,7	479	1,8

Tabla 30: Resultados obtenidos al medir la calidad y cantidad de los ARNs de las muestras de pacientes en los estudios “ex vivo”.

Los datos obtenidos al evaluar el rendimiento y la actividad específica de cada fluoróforo en las muestras obtenidas de pacientes se muestran en la Tabla 31:

Muestra	ARNt de partida (ng)	ARNc (ng/μl)	ARNc total (ng)	Actividad Específica (pmol/μg)
Pool Control-Cy3 (I)	427	233,95	13.335,20	10,3
Pool Control-Cy3 (II)	427	564,65	15.245,55	14,03
Pool Control-Cy5 (I)	427	197,31	11.246,70	13,43
Pool Control-Cy5 (II)	427	552,12	14.907,24	14,56
HLP1-Cy3	549	210,2	5.675,40	8,9
HLP1-Cy5	549	171,1	4.619,70	13,4
HLP2-Cy3	977	112,9	3.048,30	7
HLP2-Cy5	977	117	3.159	12,2
HLP3-Cy3	660	151,5	4.090,50	8,7
HLP3-Cy5	660	152,2	4.109,40	12,2
HLP6-Cy3	641	98,7	2.664,90	8,2
HLP6-Cy5	641	118,8	3.207,60	12,4
HLP7-Cy3	685	364,4	9.838,80	10,1
HLP7-Cy5	685	467,8	12.630,60	13,8
HLP8-Cy3	322	75	2.025	8,5
HLP8-Cy5	322	124,4	3.358,80	11,8
HLP15-Cy3	570	508,7	13.734,90	11
HLP15-Cy5	570	428,3	11.564,10	14,8
HLP17-Cy3	420	207,9	5.613,30	8,5
HLP17-Cy5	420	284	7.668	10,5
HLP19-Cy3	400	134,8	6.639,60	10,53
HLP19-Cy5	400	134,8	6.639,60	13,57
HLP5-Cy3	655	33,5	904,5	7,2
HLP5-Cy5	655	36	972	11,1
HLP10-Cy3	572	104,7	2.826,90	9,7
HLP10-Cy5	572	211,1	5.699,70	9,4
HLP11-Cy3	656	464,7	12.546,90	9,8
HLP11-Cy5	656	455,1	12.287,70	12
HLP12-Cy3	583	430,2	11.615,40	10,1
HLP12-Cy5	583	340,7	9.198,90	11,9
HLP13-Cy3	460	371,6	10.033,20	9,4
HLP13-Cy5	460	441,3	11.915,10	11,5
HLP14-Cy3	267	206,9	5.586,30	9,2
HLP14-Cy5	267	169,3	4.571,10	10,5
HLP20-Cy3	405	215,1	5.807,70	9,1
HLP20-Cy5	405	208,4	5.626,80	11,4
HLP22-Cy3	435	202,7	5.472,90	7,89
HLP22-Cy5	435	193,8	5.232,60	14,29
HLP23-Cy3	479	178,8	4.827,60	12,14
HLP23-Cy5	479	242,2	6.539,40	13,54

Tabla 31: Resultado de marcaje y amplificación de las muestras de pacientes en los estudios “ex vivo”. Las muestras señaladas en rojo fueron marcadas con Cy5 y en verde con Cy3.

A partir del escaneado de las imágenes obtenidas en cada una de la hibridaciones en los microarrays, se obtuvieron los datos empleados en el análisis de expresión diferencial e identificación de clusters mediante el software libre Babelomics.

ANEXO 2:
**Genes diferencialmente expresados
en los estudios de microarrays**

GENES COMUNES INDUCIDOS EN EL FENOTIPO NO EPITELIOIDE Y EPITELIOIDE

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P432947	19,24	0,00001	14,36	0,00007	GREM1	NM_013372	Homo sapiens gremlin 1, cysteine knot superfamily, homolog (Xenopus laevis) (GREM1), mRNA [NM_013372]
A_24_P95070	13,97	0,00001	4,35	0,00290	TFPI2	ENST00000222543	Tissue factor pathway inhibitor 2 precursor (TFPI-2) (Placental protein 5) (PP5), [Source:Uniprot/SWISSPROT-Acc:P48307] [ENST00000222543]
A_23_P206022	13,68	0,00005	3,35	0,00371	ITGA11	NM_001004439	Homo sapiens integrin, alpha 11 (ITGA11), transcript variant 1, mRNA [NM_001004439]
A_23_P1691	13,43	0,00006	7,66	0,00446	MMP1	NM_002421	Homo sapiens matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase) (MMP1), mRNA [NM_002421]
A_23_P393620	11,61	0,00001	4,43	0,00285	TFPI2	NM_006528	Homo sapiens tissue factor pathway inhibitor 2 (TFPI2), mRNA [NM_006528]
A_23_P111888	10,61	0,00006	2,32	0,00805	CTHRC1	NM_138455	Homo sapiens collagen triple helix repeat containing 1 (CTHRC1), mRNA [NM_138455]
A_23_P212061	10,03	0,00000	6,63	0,00010	MME	NM_007289	Homo sapiens membrane metallo-endopeptidase (MME), transcript variant 2b, mRNA [NM_007289]
A_23_P99063	9,73	0,00001	7,34	0,00001	LUM	NM_002345	Homo sapiens lumican (LUM), mRNA [NM_002345]
A_23_P34744	9,29	0,00002	7,93	0,00002	CTSK	NM_000396	Homo sapiens cathepsin K (CTSK), mRNA [NM_000396]
A_23_P51410	6,83	0,00000	2,76	0,00094	SMYD3	NM_022743	Homo sapiens SET and MYND domain containing 3 (SMYD3), mRNA [NM_022743]
A_23_P56746	6,55	0,00000	5,60	0,00000	FAP	NM_004460	Homo sapiens fibroblast activation protein, alpha (FAP), mRNA [NM_004460]
A_23_P74609	6,48	0,00007	2,25	0,00087	G0S2	NM_015714	Homo sapiens G0/G1 switch 2 (G0S2), mRNA [NM_015714]
A_23_P122174	6,41	0,00001	2,68	0,00498	XRCC4	NM_022550	Homo sapiens X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 4 (XRCC4), transcript variant 3, mRNA [NM_022550]
A_23_P202327	6,24	0,00004	4,03	0,00004	ADAM12	NM_003474	Homo sapiens ADAM metalloproteinase domain 12 (metrin alpha) (ADAM12), transcript variant 1, mRNA [NM_003474]
A_23_P365685	5,88	0,00011	6,23	0,00016	LIMS3	NM_033514	Homo sapiens LIM and senescent cell antigen-like domains 3 (LIMS3), mRNA [NM_033514]
A_23_P218858	5,85	0,00012	2,54	0,00081	ABI3BP	NM_015429	Homo sapiens ABI gene family, member 3 (NESH) binding protein (ABI3BP), mRNA [NM_015429]
A_23_P21485	5,50	0,00013	2,26	0,00683	PID1	NM_017933	Homo sapiens phosphotyrosine interaction domain containing 1 (PID1), mRNA [NM_017933]
A_23_P76450	5,35	0,00001	2,27	0,00818	PHLDA1	NM_007350	Homo sapiens pleckstrin homology-like domain, family A, member 1 (PHLDA1), mRNA [NM_007350]
A_23_P64873	5,05	0,00001	2,67	0,00428	DCN	NM_001920	Homo sapiens decorin (DCN), transcript variant A1, mRNA [NM_001920]
A_23_P429998	4,67	0,00001	2,83	0,00348	FOSB	NM_006732	Homo sapiens FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog B (FOSB), mRNA [NM_006732]
A_23_P16523	4,66	0,00001	4,39	0,00054	GDF15	NM_004864	Homo sapiens growth differentiation factor 15 (GDF15), mRNA [NM_004864]
A_23_P213562	4,46	0,00001	2,17	0,00061	F2R	NM_001992	Homo sapiens coagulation factor II (thrombin) receptor (F2R), mRNA [NM_001992]
A_23_P218646	4,16	0,00009	2,01	0,00161	TNFRSF6B	NM_032945	Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 6b, decoy (TNFRSF6B), transcript variant M68C, mRNA [NM_032945]
A_23_P93524	4,06	0,00000	2,87	0,00013	SAMD3	NM_001017373	Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 3 (SAMD3), transcript variant 1, mRNA [NM_001017373]
A_23_P162589	3,97	0,00003	2,51	0,00019	VDR	NM_001017535	Homo sapiens vitamin D (1,25-dihydroxyvitamin D3) receptor (VDR), transcript variant 2, mRNA [NM_001017535]
A_23_P17269	3,92	0,00000	2,56	0,00003	KIAA1212	NM_018084	Homo sapiens KIAA1212 (KIAA1212), mRNA [NM_018084]
A_32_P61684	3,69	0,00001	3,92	0,00017	PAG1	NM_018440	Homo sapiens phosphoprotein associated with glycosphingolipid microdomains 1 (PAG1), mRNA [NM_018440]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P24129	3,68	0,00003	3,55	0,00011	DKK1	NM_012242	Homo sapiens dickkopf homolog 1 (Xenopus laevis) (DKK1), mRNA [NM_012242]
A_23_P169039	3,58	0,00002	2,21	0,00062	SNAI2	NM_003068	Homo sapiens snail homolog 2 (Drosophila) (SNAI2), mRNA [NM_003068]
A_23_P305060	3,55	0,00012	3,55	0,00303	PBEF1	NM_005746	Homo sapiens pre-B-cell colony enhancing factor 1 (PBEF1), mRNA [NM_005746]
A_23_P78092	3,54	0,00011	4,68	0,00039	EV12A	NM_001003927	Homo sapiens ecotropic viral integration site 2A (EV12A), transcript variant 1, mRNA [NM_001003927]
A_32_P69149	3,50	0,00000	2,01	0,00379	STEAP1	NM_012449	Homo sapiens six transmembrane epithelial antigen of the prostate 1 (STEAP1), mRNA [NM_012449]
A_23_P56734	3,48	0,00000	3,26	0,00003	HNMT	NM_006895	Homo sapiens histamine N-methyltransferase (HNMT), transcript variant 1, mRNA [NM_006895]
A_24_P566916	3,47	0,00004	5,35	0,00002	TncRNA	NR_002802	Homo sapiens trophoblast-derived noncoding RNA (TncRNA) on chromosome 11 [NR_002802]
A_23_P156180	3,45	0,00000	2,39	0,00225	SLC22A4	NM_003059	Homo sapiens solute carrier family 22 (organic cation transporter), member 4 (SLC22A4), mRNA [NM_003059]
A_23_P217832	3,44	0,00006	3,28	0,00003	FAM129A	NM_052966	Homo sapiens family with sequence similarity 129, member A (FAM129A), transcript variant 2, mRNA [NM_052966]
A_24_P347411	3,27	0,00346	4,39	0,00177	POSTN	NM_006475	Homo sapiens periostin, osteoblast specific factor (POSTN), mRNA [NM_006475]
A_23_P16953	3,21	0,00038	3,85	0,00194	HTR2B	NM_000867	Homo sapiens 5-hydroxytryptamine (serotonin) receptor 2B (HTR2B), mRNA [NM_000867]
A_24_P117410	3,20	0,00008	2,51	0,00024	KLHDC7B	NM_138433	Homo sapiens kelch domain containing 7B (KLHDC7B), mRNA [NM_138433]
A_23_P391906	3,14	0,00007	2,24	0,00354	KIAA1913	BC044246	Homo sapiens KIAA1913, mRNA (cDNA clone MGC:50847 IMAGE:5760073), complete cds. [BC044246]
A_23_P66525	3,01	0,00002	2,13	0,00199	HS3ST3A1	NM_006042	Homo sapiens heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 3A1 (HS3ST3A1), mRNA [NM_006042]
A_24_P922261	2,96	0,00000	2,05	0,00009	SRGAP1	BC029919	Homo sapiens SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 1, mRNA (cDNA clone IMAGE:4153945), with apparent retained intron. [BC029919]
A_23_P123336	2,94	0,00505	3,19	0,00021	PPM2C	NM_018444	Homo sapiens protein phosphatase 2C, magnesium-dependent, catalytic subunit (PPM2C), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_018444]
A_23_P80974	2,89	0,00245	6,98	0,00000	TDO2	NM_005651	Homo sapiens tryptophan 2,3-dioxygenase (TDO2), mRNA [NM_005651]
A_23_P160466	2,88	0,00003	2,10	0,00104	SLC19A2	NM_006996	Homo sapiens solute carrier family 19 (thiamine transporter), member 2 (SLC19A2), mRNA [NM_006996]
A_32_P40288	2,88	0,00005	2,19	0,00325	KIAA1913	NM_052913	Homo sapiens KIAA1913 (KIAA1913), mRNA [NM_052913]
A_23_P72096	2,73	0,00058	2,27	0,00329	IL1A	NM_000575	Homo sapiens interleukin 1, alpha (IL1A), mRNA [NM_000575]
A_23_P38106	2,69	0,00002	2,82	0,00015	SPHK1	NM_021972	Homo sapiens sphingosine kinase 1 (SPHK1), transcript variant 1, mRNA [NM_021972]
A_23_P250800	2,62	0,00003	2,49	0,00014	ST3GAL6	NM_006100	Homo sapiens ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 6 (ST3GAL6), mRNA [NM_006100]
A_24_P915806	2,60	0,00002	2,43	0,00000	HNMT	NM_001024074	Homo sapiens histamine N-methyltransferase (HNMT), transcript variant 2, mRNA [NM_001024074]
A_23_P256391	2,58	0,00001	2,44	0,00000	GOLGA4	NM_002078	Homo sapiens golgi autoantigen, golgin subfamily a, 4 (GOLGA4), mRNA [NM_002078]
A_24_P261417	2,50	0,00000	2,16	0,00013	DKK3	NM_015881	Homo sapiens dickkopf homolog 3 (Xenopus laevis) (DKK3), transcript variant 1, mRNA [NM_015881]
A_23_P147805	2,47	0,00005	2,15	0,00126	UPP1	BC047030	Homo sapiens uridine phosphorylase 1, mRNA (cDNA clone MGC:54255 IMAGE:5549432), complete cds. [BC047030]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P106194	2,43	0,00130	3,60	0,00135	FOS	NM_005252	Homo sapiens v-fos FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog (FOS), mRNA [NM_005252]
A_23_P315364	2,35	0,00141	3,08	0,00912	CXCL2	NM_002089	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 2 (CXCL2), mRNA [NM_002089]
A_24_P686992	2,32	0,00095	2,61	0,00002	ENST00000288911	ENST00000288911	Ankyrin repeat domain-containing protein 36A. [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q6UX02][ENST00000288911]
A_23_P52986	2,27	0,00223	2,16	0,00015	VWCE	NM_152718	Homo sapiens von Willebrand factor C and EGF domains (VWCE), mRNA [NM_152718]
A_32_P175739	2,25	0,00004	2,36	0,00040	HK2	NM_000189	Homo sapiens hexokinase 2 (HK2), mRNA [NM_000189]
A_23_P416608	2,24	0,00000	2,14	0,00005	LAMP2	NM_013995	Homo sapiens lysosomal-associated membrane protein 2 (LAMP2), transcript variant LAMP2B, mRNA [NM_013995]
A_23_P200001	2,23	0,00119	2,08	0,00011	NEXN	NM_144573	Homo sapiens nexilin (F actin binding protein) (NEXN), mRNA [NM_144573]
A_23_P158096	2,21	0,00027	2,07	0,00001	COL27A1	AK021957	Homo sapiens cDNA FLJ11895 fis, clone HEMBA1007301, weakly similar to COLLAGEN ALPHA 1(III) CHAIN [AK021957]
A_24_P153511	2,17	0,00061	2,64	0,00007	OSBPL8	NM_020841	Homo sapiens oxysterol binding protein-like 8 (OSBPL8), transcript variant 1, mRNA [NM_020841]
A_23_P170733	2,13	0,00002	2,10	0,00006	ANTXR2	NM_058172	Homo sapiens anthrax toxin receptor 2 (ANTXR2), mRNA [NM_058172]
A_23_P502520	2,12	0,00005	2,99	0,00009	IL4I1	NM_172374	Homo sapiens interleukin 4 induced 1 (IL4I1), transcript variant 2, mRNA [NM_172374]
A_24_P280983	2,06	0,00484	2,51	0,00306	HOXA11S	NR_002795	Homo sapiens homeo box A11, antisense (HOXA11S) on chromosome 7 [NR_002795]
A_23_P422851	2,05	0,00006	2,21	0,00287	CABLES1	NM_138375	Homo sapiens Cdk5 and Abl enzyme substrate 1 (CABLES1), mRNA [NM_138375]
A_24_P124558	2,04	0,00006	2,10	0,00011	HOXC8	NM_022658	Homo sapiens homeobox C8 (HOXC8), mRNA [NM_022658]
A_23_P122915	2,02	0,00001	2,04	0,00006	BRI3	NM_015379	Homo sapiens brain protein I3 (BRI3), mRNA [NM_015379]

GENES INDUCIDOS EN EL FENOTIPO EPITELIOIDE

Nombre de la Sonda	Ratio Epitelioides	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P432947	14,36	0,00007	GREM1	NM_013372	Homo sapiens gremlin 1, cysteine knot superfamily, homolog (Xenopus laevis) (GREM1), mRNA [NM_013372]
A_23_P34744	7,93	0,00002	CTSK	NM_000396	Homo sapiens cathepsin K (CTSK), mRNA [NM_000396]
A_23_P1691	7,66	0,00446	MMP1	NM_002421	Homo sapiens matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase) (MMP1), mRNA [NM_002421]
A_23_P39063	7,34	0,00001	LUM	NM_002345	Homo sapiens lumican (LUM), mRNA [NM_002345]
A_23_P80974	6,98	0,00000	TDO2	NM_005651	Homo sapiens tryptophan 2,3-dioxygenase (TDO2), mRNA [NM_005651]
A_23_P212061	6,63	0,00010	MME	NM_007289	Homo sapiens membrane metallo-endopeptidase (MME), transcript variant 2b, mRNA [NM_007289]
A_23_P365685	6,23	0,00016	LIMS3	NM_033514	Homo sapiens LIM and senescent cell antigen-like domains 3 (LIMS3), mRNA [NM_033514]
A_23_P56746	5,60	0,00000	FAP	NM_004460	Homo sapiens fibroblast activation protein, alpha (FAP), mRNA [NM_004460]
A_24_P566916	5,35	0,00002	TncRNA	NR_002802	Homo sapiens trophoblast-derived noncoding RNA (TncRNA) on chromosome 11 [NR_002802]
A_24_P106542	5,08	0,00037	RSPO3	NM_032784	Homo sapiens R-spondin 3 homolog (Xenopus laevis) (RSPO3), mRNA [NM_032784]
A_23_P78092	4,68	0,00039	EVI2A	NM_001003927	Homo sapiens ecotropic viral integration site 2A (EVI2A), transcript variant 1, mRNA [NM_001003927]
A_23_P393620	4,43	0,00285	TFPI2	NM_006528	Homo sapiens tissue factor pathway inhibitor 2 (TFPI2), mRNA [NM_006528]
A_24_P347411	4,39	0,00177	POSTN	NM_006475	Homo sapiens periostin, osteoblast specific factor (POSTN), mRNA [NM_006475]
A_23_P16523	4,39	0,00054	GDF15	NM_004864	Homo sapiens growth differentiation factor 15 (GDF15), mRNA [NM_004864]
A_24_P95070	4,35	0,00290	TFPI2	ENST00000222543	Tissue factor pathway inhibitor 2 precursor (TFPI-2) (Placental protein 5) (PP5), [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P48307] [ENST00000222543]
A_23_P145096	4,09	0,00017	PLA2G7	NM_005084	Homo sapiens phospholipase A2, group VII (platelet-activating factor acetylhydrolase, plasma) (PLA2G7), mRNA [NM_005084]
A_24_P88696	4,04	0,00014	SCG2	NM_003469	Homo sapiens secretogranin II (chromogranin C) (SCG2), mRNA [NM_003469]
A_23_P202327	4,03	0,00004	ADAM12	NM_003474	Homo sapiens ADAM metalloproteinase domain 12 (meltrin alpha) (ADAM12), transcript variant 1, mRNA [NM_003474]
A_32_P61684	3,92	0,00017	PAG1	NM_018440	Homo sapiens phosphoprotein associated with glycosphingolipid microdomains 1 (PAG1), mRNA [NM_018440]
A_23_P16953	3,85	0,00194	HTR2B	NM_000867	Homo sapiens 5-hydroxytryptamine (serotonin) receptor 2B (HTR2B), mRNA [NM_000867]
A_23_P317620	3,84	0,00007	ARL4C	NM_005737	Homo sapiens ADP-ribosylation factor-like 4C (ARL4C), mRNA [NM_005737]
A_23_P106194	3,60	0,00135	FOS	NM_005252	Homo sapiens v-fos FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog (FOS), mRNA [NM_005252]
A_23_P24129	3,55	0,00011	DKK1	NM_012242	Homo sapiens dickkopf homolog 1 (Xenopus laevis) (DKK1), mRNA [NM_012242]
A_23_P305060	3,55	0,00303	PBEF1	NM_005746	Homo sapiens pre-B-cell colony enhancing factor 1 (PBEF1), mRNA [NM_005746]
A_23_P206022	3,35	0,00371	ITGA11	NM_001004439	Homo sapiens integrin, alpha 11 (ITGA11), transcript variant 1, mRNA [NM_001004439]
A_23_P217832	3,28	0,00003	FAM129A	NM_052966	Homo sapiens family with sequence similarity 129, member A (FAM129A), transcript variant 2, mRNA [NM_052966]
A_23_P56734	3,26	0,00003	HNMT	NM_006895	Homo sapiens histamine N-methyltransferase (HNMT), transcript variant 1, mRNA [NM_006895]
A_32_P140898	3,26	0,00057	FOXN2	NM_002158	Homo sapiens forkhead box N2 (FOXN2), mRNA [NM_002158]
A_23_P210358	3,21	0,00006	LIMS1	NM_004987	Homo sapiens LIM and senescent cell antigen-like domains 1 (LIMS1), mRNA [NM_004987]
A_23_P123336	3,19	0,00021	PPM2C	NM_018444	Homo sapiens protein phosphatase 2C, magnesium-dependent, catalytic subunit (PPM2C), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_018444]
A_23_P315364	3,08	0,00912	CXCL2	NM_002089	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 2 (CXCL2), mRNA [NM_002089]
A_23_P209735	3,01	0,00002	ARMC9	NM_025139	Homo sapiens armadillo repeat containing 9 (ARMC9), mRNA [NM_025139]

Nombre de la Sonda	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P350576	3,01	0,00010	TNIK	AB011123	Homo sapiens mRNA for KIAA0551 protein, partial cds. [AB011123]
A_23_P502520	2,99	0,00009	IL411	NM_172374	Homo sapiens interleukin 4 induced 1 (IL411), transcript variant 2, mRNA [NM_172374]
A_23_P94533	2,96	0,00006	CTSL1	NM_001912	Homo sapiens cathepsin L1 (CTSL1), transcript variant 1, mRNA [NM_001912]
A_23_P93524	2,87	0,00013	SAMD3	NM_001017373	Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 3 (SAMD3), transcript variant 1, mRNA [NM_001017373]
A_23_P204847	2,85	0,00476	LCP1	NM_002298	Homo sapiens lymphocyte cytosolic protein 1 (L-plastin) (LCP1), mRNA [NM_002298]
A_23_P429998	2,83	0,00348	FOSB	NM_006732	Homo sapiens FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog B (FOSB), mRNA [NM_006732]
A_23_P38106	2,82	0,00015	SPHK1	NM_021972	Homo sapiens sphingosine kinase 1 (SPHK1), transcript variant 1, mRNA [NM_021972]
A_24_P938293	2,81	0,00004	HES1	NM_005524	Homo sapiens hairy and enhancer of split 1, (Drosophila) (HES1), mRNA [NM_005524]
A_24_P497244	2,79	0,00000	MALAT1	NR_002819	Homo sapiens metastasis associated lung adenocarcinoma transcript 1 (non-coding RNA) (MALAT1) on chromosome 11 [NR_002819]
A_23_P51410	2,76	0,00094	SMYD3	NM_022743	Homo sapiens SET and MYND domain containing 3 (SMYD3), mRNA [NM_022743]
A_23_P353524	2,74	0,00240	IVL	NM_005547	Homo sapiens involucrin (IVL), mRNA [NM_005547]
A_23_P500998	2,71	0,00135	HOXA9	NM_152739	Homo sapiens homeobox A9 (HOXA9), mRNA [NM_152739]
A_23_P83098	2,71	0,00120	ALDH1A1	NM_000689	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 1 family, member A1 (ALDH1A1), mRNA [NM_000689]
A_23_P122174	2,68	0,00498	XRCC4	NM_022550	Homo sapiens X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 4 (XRCC4), transcript variant 3, mRNA [NM_022550]
A_23_P64873	2,67	0,00428	DCN	NM_001920	Homo sapiens decorin (DCN), transcript variant A1, mRNA [NM_001920]
A_24_P153511	2,64	0,00007	OSBPL8	NM_020841	Homo sapiens oxysterol binding protein-like 8 (OSBPL8), transcript variant 1, mRNA [NM_020841]
A_24_P686992	2,61	0,00002	ENST00000288911	ENST00000288911	Ankyrin repeat domain-containing protein 36A. [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q6UX02] [ENST00000288911]
A_23_P17269	2,56	0,00003	KIAA1212	NM_018084	Homo sapiens KIAA1212 (KIAA1212), mRNA [NM_018084]
A_23_P218858	2,54	0,00081	ABI3BP	NM_015429	Homo sapiens ABI gene family, member 3 (NESH) binding protein (ABI3BP), mRNA [NM_015429]
A_24_P117410	2,51	0,00024	KLHDC7B	NM_138433	Homo sapiens kelch domain containing 7B (KLHDC7B), mRNA [NM_138433]
A_24_P280983	2,51	0,00306	HOXA11S	NR_002795	Homo sapiens homeo box A11, antisense (HOXA11S) on chromosome 7 [NR_002795]
A_23_P162589	2,51	0,00019	VDR	NM_001017535	Homo sapiens vitamin D (1,25- dihydroxyvitamin D3) receptor (VDR), transcript variant 2, mRNA [NM_001017535]
A_23_P257924	2,49	0,00003	ETS2	NM_005239	Homo sapiens v-ets erythroblastosis virus E26 oncogene homolog 2 (avian) (ETS2), mRNA [NM_005239]
A_23_P250800	2,49	0,00014	ST3GAL6	NM_006100	Homo sapiens ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 6 (ST3GAL6), mRNA [NM_006100]
A_23_P31064	2,47	0,00016	MOXD1	NM_015529	Homo sapiens monooxygenase, DBH-like 1 (MOXD1), transcript variant 2, mRNA [NM_015529]
A_23_P110957	2,46	0,00005	FOXF2	NM_001452	Homo sapiens forkhead box F2 (FOXF2), mRNA [NM_001452]
A_24_P300777	2,45	0,00091	ADAM8	NM_001109	Homo sapiens ADAM metalloproteinase domain 8 (ADAM8), mRNA [NM_001109]
A_23_P256391	2,44	0,00000	GOLGA4	NM_002078	Homo sapiens golgi autoantigen, golgin subfamily a, 4 (GOLGA4), mRNA [NM_002078]
A_24_P915806	2,43	0,00000	HNMT	NM_001024074	Homo sapiens histamine N-methyltransferase (HNMT), transcript variant 2, mRNA [NM_001024074]
A_23_P115313	2,43	0,00400	TOR3A	NM_022371	Homo sapiens torsin family 3, member A (TOR3A), mRNA [NM_022371]
A_23_P133691	2,41	0,00002	RRAGD	NM_021244	Homo sapiens Ras-related GTP binding D (RRAGD), mRNA [NM_021244]
A_32_P2392	2,41	0,00013	GOLGA8B	NM_001023567	Homo sapiens golgi autoantigen, golgin subfamily a, 8B (GOLGA8B), mRNA [NM_001023567]
A_23_P114947	2,40	0,00036	RGS2	NM_002923	Homo sapiens regulator of G-protein signalling 2, 24kDa (RGS2), mRNA [NM_002923]
A_23_P164650	2,40	0,00187	APOE	NM_000041	Homo sapiens apolipoprotein E (APOE), mRNA [NM_000041]
A_23_P156180	2,39	0,00225	SLC22A4	NM_003059	Homo sapiens solute carrier family 22 (organic cation transporter), member 4 (SLC22A4), mRNA [NM_003059]

Nombre de la Sonda	Ratio Epitelioides	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P129101	2,38	0,00001	HEXA	NM_000520	Homo sapiens hexosaminidase A (alpha polypeptide) (HEXA), mRNA [NM_000520]
A_32_P175739	2,36	0,00040	HK2	NM_000189	Homo sapiens hexokinase 2 (HK2), mRNA [NM_000189]
A_23_P252062	2,32	0,00003	PPARG	NM_138711	Homo sapiens peroxisome proliferator-activated receptor gamma (PPARG), transcript variant 3, mRNA [NM_138711]
A_23_P111888	2,32	0,00805	CTHRC1	NM_138455	Homo sapiens collagen triple helix repeat containing 1 (CTHRC1), mRNA [NM_138455]
A_23_P157299	2,31	0,00068	AEBP1	NM_001129	Homo sapiens AE binding protein 1 (AEBP1), mRNA [NM_001129]
A_23_P8754	2,31	0,00037	AASS	NM_005763	Homo sapiens aminoacidate-semialdehyde synthase (AASS), mRNA [NM_005763]
A_23_P146554	2,31	0,00002	PTGDS	NM_000954	Homo sapiens prostaglandin D2 synthase 21kDa (brain) (PTGDS), mRNA [NM_000954]
A_24_P221007	2,30	0,00286	ENST00000358984	ENST00000358984	Ankyrin repeat domain 30B, [Source:UniProt/SPTREMBL;Acc:Q4G175] [ENST00000358984]
A_23_P129556	2,27	0,00098	IL4R	NM_000418	Homo sapiens interleukin 4 receptor (IL4R), transcript variant 1, mRNA [NM_000418]
A_23_P76450	2,27	0,00818	PHLDA1	NM_007350	Homo sapiens pleckstrin homology-like domain, family A, member 1 (PHLDA1), mRNA [NM_007350]
A_23_P72096	2,27	0,00329	IL1A	NM_000575	Homo sapiens interleukin 1, alpha (IL1A), mRNA [NM_000575]
A_24_P912058	2,26	0,00002	HEXA	S76980	HEXA {HEXA4bpDeltaA mutation, exon 1} [human, Tay-Sachs disease patient, mRNA Partial Mutant, 78 nt]. [S76980]
A_24_P280113	2,26	0,00013	IL13RA1	NM_001560	Homo sapiens interleukin 13 receptor, alpha 1 (IL13RA1), mRNA [NM_001560]
A_23_P216325	2,26	0,00010	ASAH1	NM_004315	Homo sapiens N-acylsphingosine amidohydrolase (acid ceramidase) 1 (ASAH1), transcript variant 2, mRNA [NM_004315]
A_23_P21485	2,26	0,00683	PID1	NM_017933	Homo sapiens phosphotyrosine interaction domain containing 1 (PID1), mRNA [NM_017933]
A_23_P140490	2,25	0,00041	BRUNOL6	NM_052840	Homo sapiens bruno-like 6, RNA binding protein (Drosophila) (BRUNOL6), mRNA [NM_052840]
A_23_P74609	2,25	0,00087	GOS2	NM_015714	Homo sapiens G0/G1 switch 2 (GOS2), mRNA [NM_015714]
A_23_P422178	2,24	0,00192	CUL4B	NM_003588	Homo sapiens cullin 4B (CUL4B), transcript variant 1, mRNA [NM_003588]
A_23_P391906	2,24	0,00354	KIAA1913	BC044246	Homo sapiens KIAA1913, mRNA (cDNA clone MGC:50847 IMAGE:5760073), complete cds. [BC044246]
A_24_P418637	2,23	0,00033	MACF1	NM_012090	Homo sapiens microtubule-actin crosslinking factor 1 (MACF1), transcript variant 1, mRNA [NM_012090]
A_23_P37623	2,23	0,00002	GOLGA8A	NM_181077	Homo sapiens golgi autoantigen, golgin subfamily a, 8A (GOLGA8A), mRNA [NM_181077]
A_23_P35564	2,22	0,00000	SEC31B	NM_015490	Homo sapiens SEC31 homolog B (S. cerevisiae) (SEC31B), mRNA [NM_015490]
A_23_P169039	2,21	0,00062	SNAI2	NM_003068	Homo sapiens snail homolog 2 (Drosophila) (SNAI2), mRNA [NM_003068]
A_23_P160154	2,21	0,00004	GALE	NM_000403	Homo sapiens UDP-galactose-4-epimerase (GALE), transcript variant 1, mRNA [NM_000403]
A_23_P422851	2,21	0,00287	CABLES1	NM_138375	Homo sapiens Cdk5 and Abl enzyme substrate 1 (CABLES1), mRNA [NM_138375]
A_32_P40288	2,19	0,00325	KIAA1913	NM_052913	Homo sapiens KIAA1913 (KIAA1913), mRNA [NM_052913]
A_23_P144622	2,18	0,00024	GNPDA1	NM_005471	Homo sapiens glucosamine-6-phosphate deaminase 1 (GNPDA1), mRNA [NM_005471]
A_23_P213562	2,17	0,00061	F2R	NM_001992	Homo sapiens coagulation factor II (thrombin) receptor (F2R), mRNA [NM_001992]
A_23_P371885	2,17	0,00168	AF119889	AF119889	Homo sapiens PRO2667 mRNA, complete cds. [AF119889]
A_24_P222043	2,16	0,00607	HMGAI	NM_002131	Homo sapiens high mobility group AT-hook 1 (HMGAI), transcript variant 2, mRNA [NM_002131]
A_23_P52986	2,16	0,00015	VWCE	NM_152718	Homo sapiens von Willebrand factor C and EGF domains (VWCE), mRNA [NM_152718]
A_32_P79366	2,16	0,00125	HABP4	NM_014282	Homo sapiens hyaluronan binding protein 4 (HABP4), mRNA [NM_014282]
A_24_P261417	2,16	0,00013	DKK3	NM_015881	Homo sapiens dickkopf homolog 3 (Xenopus laevis) (DKK3), transcript variant 1, mRNA [NM_015881]
A_24_P82200	2,15	0,00000	MEIS2	NM_170676	Homo sapiens Meis homeobox 2 (MEIS2), transcript variant d, mRNA [NM_170676]
A_23_P147805	2,15	0,00126	UPP1	BC047030	Homo sapiens uridine phosphorylase 1, mRNA (cDNA clone MGC:54255 IMAGE:5549432), complete cds. [BC047030]

Nombre de la Sonda	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P416608	2,14	0,00005	LAMP2	NM_013995	Homo sapiens lysosomal-associated membrane protein 2 (LAMP2), transcript variant LAMP2B, mRNA [NM_013995]
A_23_P326160	2,14	0,00226	ZC3H12A	NM_025079	Homo sapiens zinc finger CCH-type containing 12A (ZC3H12A), mRNA [NM_025079]
A_24_P101072	2,14	0,00032	ENST00000369326	ENST00000369326	Notch homolog 2 N-terminal like protein [Source:RefSeq_peptide;Acc:NP_982283] [ENST00000369326]
A_23_P86550	2,14	0,00056	EIF3S10	NM_003750	Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 3, subunit 10 theta, 150/170kDa (EIF3S10), mRNA [NM_003750]
A_23_P402899	2,13	0,00001	SLFN5	NM_144975	Homo sapiens schlafen family member 5 (SLFN5), mRNA [NM_144975]
A_23_P66525	2,13	0,00199	HS3ST3A1	NM_006042	Homo sapiens heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 3A1 (HS3ST3A1), mRNA [NM_006042]
A_23_P78762	2,11	0,00001	HSD17B14	NM_016246	Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 14 (HSD17B14), mRNA [NM_016246]
A_23_P70968	2,11	0,00043	HOXA7	NM_006896	Homo sapiens homeobox A7 (HOXA7), mRNA [NM_006896]
A_24_P6725	2,11	0,00001	KIAA1641	NM_025190	Homo sapiens KIAA1641 (KIAA1641), mRNA [NM_025190]
A_24_P124558	2,10	0,00011	HOXC8	NM_022658	Homo sapiens homeobox C8 (HOXC8), mRNA [NM_022658]
A_23_P160466	2,10	0,00104	SLC19A2	NM_006996	Homo sapiens solute carrier family 19 (thiamine transporter), member 2 (SLC19A2), mRNA [NM_006996]
A_23_P170733	2,10	0,00006	ANTXR2	NM_058172	Homo sapiens anthrax toxin receptor 2 (ANTXR2), mRNA [NM_058172]
A_23_P88522	2,09	0,00309	NMB	NM_021077	Homo sapiens neuromedin B (NMB), transcript variant 1, mRNA [NM_021077]
A_23_P134426	2,09	0,00001	GPNMB	NM_001005340	Homo sapiens glycoprotein (transmembrane) nmb (GPNMB), transcript variant 1, mRNA [NM_001005340]
A_23_P49708	2,09	0,00003	GRN	NM_002087	Homo sapiens granulin (GRN), mRNA [NM_002087]
A_23_P200001	2,08	0,00011	NEXN	NM_144573	Homo sapiens nexilin (F actin binding protein) (NEXN), mRNA [NM_144573]
A_23_P40108	2,08	0,00049	COL9A3	NM_001853	Homo sapiens collagen, type IX, alpha 3 (COL9A3), mRNA [NM_001853]
A_24_P299007	2,07	0,00006	AF187554	AF187554	Homo sapiens sperm antigen-36 mRNA, complete cds. [AF187554]
A_23_P66694	2,07	0,00528	EVI2B	NM_006495	Homo sapiens ecotropic viral integration site 2B (EVI2B), mRNA [NM_006495]
A_23_P158096	2,07	0,00001	COL27A1	AK021957	Homo sapiens cDNA FLJ11895 fis, clone HEMBA1007301, weakly similar to COLLAGEN ALPHA 1(III) CHAIN. [AK021957]
A_23_P32454	2,07	0,00035	TG	NM_003235	Homo sapiens thyroglobulin (TG), mRNA [NM_003235]
A_23_P111311	2,06	0,00235	AKAP12	NM_144497	Homo sapiens A kinase (PRKA) anchor protein (gravin) 12 (AKAP12), transcript variant 2, mRNA [NM_144497]
A_23_P122915	2,04	0,00006	BR13	NM_015379	Homo sapiens brain protein 13 (BR13), mRNA [NM_015379]
A_24_P364591	2,04	0,00020	FBLN5	NM_006329	Homo sapiens fibulin 5 (FBLN5), mRNA [NM_006329]
A_24_P140204	2,03	0,00004	PXK	NM_017771	Homo sapiens PX domain containing serine/threonine kinase (PXK), mRNA [NM_017771]
A_23_P358548	2,03	0,00037	SLC43A3	NM_199329	Homo sapiens solute carrier family 43, member 3 (SLC43A3), mRNA [NM_199329]
A_23_P428129	2,03	0,00138	CDKN1C	NM_000076	Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 1C (p57, Kip2) (CDKN1C), mRNA [NM_000076]
A_23_P116286	2,03	0,00476	AMPD3	NM_000480	Homo sapiens adenosine monophosphate deaminase (isoform E) (AMPD3), transcript variant 1, mRNA [NM_000480]
A_24_P614148	2,02	0,00004	GUSBL2	BC065547	Homo sapiens glucuronidase, beta-like 2, mRNA (cDNA clone IMAGE:6047050). [BC065547]
A_23_P149852	2,02	0,00002	LZTS2	NM_032429	Homo sapiens leucine zipper, putative tumor suppressor 2 (LZTS2), mRNA [NM_032429]
A_23_P107587	2,02	0,00011	NPC1	NM_000271	Homo sapiens Niemann-Pick disease, type C1 (NPC1), mRNA [NM_000271]
A_32_P69149	2,01	0,00379	STEAP1	NM_012449	Homo sapiens six transmembrane epithelial antigen of the prostate 1 (STEAP1), mRNA [NM_012449]
A_23_P218646	2,01	0,00161	TNFRSF6B	NM_032945	Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 6b, decoy (TNFRSF6B), transcript variant M68C, mRNA [NM_032945]
A_24_P942002	2,01	0,00004	CENTB2	NM_012287	Homo sapiens centaurin, beta 2 (CENTB2), mRNA [NM_012287]

GENES INDUCIDOS EN EL FENOTIPO NO EPITELIOIDE

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P432947	19,24	0,00001	GREM1	NM_013372	Homo sapiens gremlin 1, cysteine knot superfamily, homolog (Xenopus laevis) (GREM1), mRNA [NM_013372]
A_23_P79518	15,27	0,00002	IL1B	NM_000576	Homo sapiens interleukin 1, beta (IL1B), mRNA [NM_000576]
A_24_P95070	13,97	0,00001	TFPI2	ENST00000222543	Tissue factor pathway inhibitor 2 precursor (TFPI-2) (Placental protein 5) (PP5). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P48307] [ENST00000222543]
A_23_P206022	13,68	0,00005	ITGA11	NM_001004439	Homo sapiens integrin, alpha 11 (ITGA11), transcript variant 1, mRNA [NM_001004439]
A_23_P1691	13,43	0,00006	MMP1	NM_002421	Homo sapiens matrix metalloproteinase 1 (interstitial collagenase) (MMP1), mRNA [NM_002421]
A_23_P31945	13,05	0,00000	IL33	NM_033439	Homo sapiens interleukin 33 (IL33), mRNA [NM_033439]
A_23_P393620	11,61	0,00001	TFPI2	NM_006528	Homo sapiens tissue factor pathway inhibitor 2 (TFPI2), mRNA [NM_006528]
A_23_P111888	10,61	0,00006	CTHRC1	NM_138455	Homo sapiens collagen triple helix repeat containing 1 (CTHRC1), mRNA [NM_138455]
A_23_P212061	10,03	0,00000	MME	NM_007289	Homo sapiens membrane metallo-endopeptidase (MME), transcript variant 2b, mRNA [NM_007289]
A_23_P99063	9,73	0,00001	LUM	NM_002345	Homo sapiens lumican (LUM), mRNA [NM_002345]
A_23_P34744	9,29	0,00002	CTSK	NM_000396	Homo sapiens cathepsin K (CTSK), mRNA [NM_000396]
A_23_P161698	9,08	0,00003	MMP3	NM_002422	Homo sapiens matrix metalloproteinase 3 (stromelysin 1, progelatinase) (MMP3), mRNA [NM_002422]
A_32_P85999	8,66	0,00001	CDH13	NM_001257	Homo sapiens cadherin 13, H-cadherin (heart) (CDH13), mRNA [NM_001257]
A_23_P95930	7,73	0,00002	HMGA2	NM_003483	Homo sapiens high mobility group AT-hook 2 (HMGA2), transcript variant 1, mRNA [NM_003483]
A_23_P1331	7,66	0,00007	COL13A1	NM_005203	Homo sapiens collagen, type XIII, alpha 1 (COL13A1), transcript variant 1, mRNA [NM_005203]
A_23_P392575	7,61	0,00113	KCNE4	NM_080671	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, Isk-related family, member 4 (KCNE4), mRNA [NM_080671]
A_23_P101054	7,23	0,00052	KRT34	NM_021013	Homo sapiens keratin 34 (KRT34), mRNA [NM_021013]
A_23_P51410	6,83	0,00000	SMYD3	NM_022743	Homo sapiens SET and MYND domain containing 3 (SMYD3), mRNA [NM_022743]
A_23_P56746	6,55	0,00000	FAP	NM_004460	Homo sapiens fibroblast activation protein, alpha (FAP), mRNA [NM_004460]
A_23_P74609	6,48	0,00007	G0S2	NM_015714	Homo sapiens G0/G1switch 2 (G0S2), mRNA [NM_015714]
A_23_P165624	6,42	0,00004	TNFAIP6	NM_007115	Homo sapiens tumor necrosis factor, alpha-induced protein 6 (TNFAIP6), mRNA [NM_007115]
A_23_P122174	6,41	0,00001	XRCC4	NM_022550	Homo sapiens X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 4 (XRCC4), transcript variant 3, mRNA [NM_022550]
A_23_P202327	6,24	0,00004	ADAM12	NM_003474	Homo sapiens ADAM metalloproteinase domain 12 (meltrin alpha) (ADAM12), transcript variant 1, mRNA [NM_003474]
A_32_P97169	6,08	0,00004	GPC6	ENST00000377047	Glypican-6 precursor. [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q9Y625] [ENST00000377047]
A_23_P24104	5,99	0,00001	PLAU	NM_002658	Homo sapiens plasminogen activator, urokinase (PLAU), mRNA [NM_002658]
A_23_P131614	5,93	0,00014	COL6A3	NM_004369	Homo sapiens collagen, type VI, alpha 3 (COL6A3), transcript variant 1, mRNA [NM_004369]
A_23_P365685	5,88	0,00011	LIMS3	NM_033514	Homo sapiens LIM and senescent cell antigen-like domains 3 (LIMS3), mRNA [NM_033514]
A_23_P218858	5,85	0,00012	ABI3BP	NM_015429	Homo sapiens ABI gene family, member 3 (NESH) binding protein (ABI3BP), mRNA [NM_015429]
A_23_P206212	5,69	0,00042	THBS1	NM_003246	Homo sapiens thrombospondin 1 (THBS1), mRNA [NM_003246]
A_23_P91512	5,57	0,00286	CLDN14	NM_144492	Homo sapiens claudin 14 (CLDN14), transcript variant 1, mRNA [NM_144492]
A_23_P21485	5,50	0,00013	PID1	NM_017933	Homo sapiens phosphotyrosine interaction domain containing 1 (PID1), mRNA [NM_017933]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P76450	5,35	0,00001	PHLDA1	NM_007350	Homo sapiens pleckstrin homology-like domain, family A, member 1 (PHLDA1), mRNA [NM_007350]
A_23_P144959	5,32	0,00013	VCAN	NM_004385	Homo sapiens versican (VCAN), mRNA [NM_004385]
A_23_P159325	5,26	0,00029	ANGPTL4	NM_139314	Homo sapiens angiopoietin-like 4 (ANGPTL4), transcript variant 1, mRNA [NM_139314]
A_23_P64873	5,05	0,00001	DCN	NM_001920	Homo sapiens decorin (DCN), transcript variant A1, mRNA [NM_001920]
A_23_P126836	5,00	0,00007	TNFSF4	NM_003326	Homo sapiens tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 4 (tax-transcriptionally activated glycoprotein 1, 34kDa) (TNFSF4), mRNA [NM_003326]
A_23_P108823	4,94	0,00001	OSBPL6	NM_032523	Homo sapiens oxysterol binding protein-like 6 (OSBPL6), transcript variant 1, mRNA [NM_032523]
A_23_P165778	4,76	0,00000	MLPH	NM_024101	Homo sapiens melanophilin (MLPH), transcript variant 1, mRNA [NM_024101]
A_23_P429998	4,67	0,00001	FOSB	NM_006732	Homo sapiens FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog B (FOSB), mRNA [NM_006732]
A_23_P16523	4,66	0,00001	GDF15	NM_004864	Homo sapiens growth differentiation factor 15 (GDF15), mRNA [NM_004864]
A_23_P571	4,59	0,00026	SLC2A1	NM_006516	Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 1 (SLC2A1), mRNA [NM_006516]
A_23_P47614	4,55	0,00000	PHLDA2	NM_003311	Homo sapiens pleckstrin homology-like domain, family A, member 2 (PHLDA2), mRNA [NM_003311]
A_23_P120316	4,53	0,00003	MTHFD2	NM_006636	Homo sapiens methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 2, methylenetetrahydrofolate cyclohydrolase (MTHFD2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_006636]
A_23_P24870	4,47	0,00000	CD44	NM_000610	Homo sapiens CD44 molecule (Indian blood group) (CD44), transcript variant 1, mRNA [NM_000610]
A_23_P213562	4,46	0,00001	F2R	NM_001992	Homo sapiens coagulation factor II (thrombin) receptor (F2R), mRNA [NM_001992]
A_23_P62021	4,43	0,00027	THBS2	L12350	Human thrombospondin 2 (THBS2) mRNA, complete cds. [L12350]
A_23_P84063	4,37	0,00020	HNT	NM_016522	Homo sapiens neurotrophin (HNT), transcript variant 1, mRNA [NM_016522]
A_23_P384044	4,29	0,00017	CNIH3	NM_152495	Homo sapiens comichon homolog 3 (Drosophila) (CNIH3), mRNA [NM_152495]
A_23_P40174	4,25	0,00071	MMP9	NM_004994	Homo sapiens matrix metalloproteinase 9 (gelatinase B, 92kDa gelatinase, 92kDa type IV collagenase) (MMP9), mRNA [NM_004994]
A_24_P264832	4,20	0,00105	NEFM	NM_005382	Homo sapiens neurofilament, medium polypeptide 150kDa (NEFM), mRNA [NM_005382]
A_23_P63209	4,17	0,00020	HSD11B1	NM_181755	Homo sapiens hydroxysteroid (11-beta) dehydrogenase 1 (HSD11B1), transcript variant 2, mRNA [NM_181755]
A_23_P218646	4,16	0,00009	TNFRSF6B	NM_032945	Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 6b, decoy (TNFRSF6B), transcript variant M68C, mRNA [NM_032945]
A_23_P156327	4,09	0,00006	TGFB1	NM_000358	Homo sapiens transforming growth factor, beta-induced, 68kDa (TGFB1), mRNA [NM_000358]
A_23_P93524	4,06	0,00000	SAMD3	NM_001017373	Homo sapiens sterile alpha motif domain containing 3 (SAMD3), transcript variant 1, mRNA [NM_001017373]
A_23_P121533	4,04	0,00145	SPON2	NM_012445	Homo sapiens spondin 2, extracellular matrix protein (SPON2), mRNA [NM_012445]
A_23_P113777	4,03	0,00032	ITGBL1	NM_004791	Homo sapiens integrin, beta-like 1 (with EGF-like repeat domains) (ITGBL1), mRNA [NM_004791]
A_24_P250922	4,03	0,00051	PTGS2	NM_000963	Homo sapiens prostaglandin-endoperoxide synthase 2 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase) (PTGS2), mRNA [NM_000963]
A_23_P162589	3,97	0,00003	VDR	NM_001017535	Homo sapiens vitamin D (1,25-dihydroxyvitamin D3) receptor (VDR), transcript variant 2, mRNA [NM_001017535]
A_23_P207911	3,96	0,00001	TRPV2	NM_016113	Homo sapiens transient receptor potential cation channel, subfamily V, member 2 (TRPV2), mRNA [NM_016113]
A_23_P16722	3,96	0,00002	DOCK10	NM_014689	Homo sapiens dedicator of cytokinesis 10 (DOCK10), mRNA [NM_014689]
A_23_P43164	3,94	0,00008	SULF1	NM_015170	Homo sapiens sulfatase 1 (SULF1), mRNA [NM_015170]
A_23_P17269	3,92	0,00000	KIAA1212	NM_018084	Homo sapiens KIAA1212 (KIAA1212), mRNA [NM_018084]
A_32_P34444	3,86	0,00067	FHOD3	NM_025135	Homo sapiens formin homology 2 domain containing 3 (FHOD3), mRNA [NM_025135]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P39955	3,84	0,00002	ACTG2	NM_001615	Homo sapiens actin, gamma 2, smooth muscle, enteric (ACTG2), mRNA [NM_001615]
A_23_P87150	3,82	0,00017	LPXN	NM_004811	Homo sapiens leupaxin (LPXN), mRNA [NM_004811]
A_24_P227069	3,81	0,00263	GPAM	NM_020918	Homo sapiens glycerol-3-phosphate acyltransferase, mitochondrial (GPAM), mRNA [NM_020918]
A_23_P62741	3,79	0,00009	ELTD1	BC025721	Homo sapiens EGF, latrophilin and seven transmembrane domain containing 1, mRNA (cDNA clone MGC:34204 IMAGE:5229055), complete cds. [BC025721]
A_23_P358597	3,75	0,00000	POPCD3	NM_022361	Homo sapiens popeye domain containing 3 (POPCD3), mRNA [NM_022361]
A_23_P75310	3,72	0,00006	ARHGAP22	NM_021226	Homo sapiens Rho GTPase activating protein 22 (ARHGAP22), mRNA [NM_021226]
A_23_P58328	3,70	0,00071	ANXA10	NM_007193	Homo sapiens annexin A10 (ANXA10), mRNA [NM_007193]
A_32_P61684	3,69	0,00001	PAG1	NM_018440	Homo sapiens phosphoprotein associated with glycosphingolipid microdomains 1 (PAG1), mRNA [NM_018440]
A_23_P24129	3,68	0,00003	DKK1	NM_012242	Homo sapiens dickkopf homolog 1 (Xenopus laevis) (DKK1), mRNA [NM_012242]
A_23_P154367	3,68	0,00001	STK17B	NM_004226	Homo sapiens serine/threonine kinase 17b (STK17B), mRNA [NM_004226]
A_23_P96383	3,68	0,00003	SRPX	NM_006307	Homo sapiens sushi-repeat-containing protein, X-linked (SRPX), mRNA [NM_006307]
A_24_P921446	3,64	0,00056	EMP1	BC017854	Homo sapiens epithelial membrane protein 1, mRNA (cDNA clone IMAGE:4691099), partial cds. [BC017854]
A_24_P605612	3,59	0,00034	THBS2	NM_003247	Homo sapiens thrombospondin 2 (THBS2), mRNA [NM_003247]
A_23_P169039	3,58	0,00002	SNAI2	NM_003068	Homo sapiens snail homolog 2 (Drosophila) (SNAI2), mRNA [NM_003068]
A_23_P67169	3,58	0,00003	IL11	NM_000641	Homo sapiens interleukin 11 (IL11), mRNA [NM_000641]
A_23_P200737	3,57	0,00002	RGS4	NM_005613	Homo sapiens regulator of G-protein signalling 4 (RGS4), mRNA [NM_005613]
A_23_P7313	3,57	0,00168	SPP1	NM_000582	Homo sapiens secreted phosphoprotein 1 (osteopontin, bone sialoprotein 1, early T-lymphocyte activation 1) (SPP1), transcript variant 2, mRNA [NM_000582]
A_23_P349566	3,56	0,00086	CCDC85A	NM_001080433	Homo sapiens coiled-coil domain containing 85A (CCDC85A), mRNA [NM_001080433]
A_32_P210202	3,55	0,00070	EZF7	NM_203394	Homo sapiens E2F transcription factor 7 (EZF7), mRNA [NM_203394]
A_23_P305060	3,55	0,00012	PBEF1	NM_005746	Homo sapiens pre-B-cell colony enhancing factor 1 (PBEF1), mRNA [NM_005746]
A_23_P78092	3,54	0,00011	EVIZA	NM_001003927	Homo sapiens ecotropic viral integration site 2A (EVIZA), transcript variant 1, mRNA [NM_001003927]
A_24_P137434	3,52	0,00011	DCBLD2	NM_080927	Homo sapiens discoidin, CUB and LCCL domain containing 2 (DCBLD2), mRNA [NM_080927]
A_32_P69149	3,50	0,00000	STEAP1	NM_012449	Homo sapiens six transmembrane epithelial antigen of the prostate 1 (STEAP1), mRNA [NM_012449]
A_23_P43810	3,48	0,00170	LTBP1	NM_206943	Homo sapiens latent transforming growth factor beta binding protein 1 (LTBP1), transcript variant 1, mRNA [NM_206943]
A_23_P56734	3,48	0,00000	HNMT	NM_006895	Homo sapiens histamine N-methyltransferase (HNMT), transcript variant 1, mRNA [NM_006895]
A_23_P414273	3,47	0,00017	MST150	NM_032947	Homo sapiens MSTP150 (MST150), mRNA [NM_032947]
A_24_P566916	3,47	0,00004	TncRNA	NR_002802	Homo sapiens trophoblast-derived noncoding RNA (TncRNA) on chromosome 11 [NR_002802]
A_23_P14083	3,46	0,00112	AMIGO2	NM_181847	Homo sapiens adhesion molecule with Ig-like domain 2 (AMIGO2), mRNA [NM_181847]
A_23_P156180	3,45	0,00000	SLC22A4	NM_003059	Homo sapiens solute carrier family 22 (organic cation transporter), member 4 (SLC22A4), mRNA [NM_003059]
A_23_P163787	3,45	0,00004	MMP2	NM_004530	Homo sapiens matrix metalloproteinase 2 (gelatinase A, 72kDa gelatinase, 72kDa type IV collagenase) (MMP2), mRNA [NM_004530]
A_23_P50919	3,45	0,00042	SERPINE2	NM_006216	Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade E (nexin, plasminogen activator inhibitor type 1), member 2 (SERPINE2), mRNA [NM_006216]
A_23_P217832	3,44	0,00006	FAM129A	NM_052966	Homo sapiens family with sequence similarity 129, member A (FAM129A), transcript variant 2, mRNA [NM_052966]
A_23_P121064	3,43	0,00461	PTX3	NM_002852	Homo sapiens pentraxin-related gene, rapidly induced by IL-1 beta (PTX3), mRNA [NM_002852]
A_23_P35414	3,41	0,00017	PPP1R3C	NM_005398	Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 3C (PPP1R3C), mRNA [NM_005398]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P121987	3.29	0.00033	TSLP	NM_033035	Homo sapiens thymic stromal lymphopoietin (TSLP), transcript variant 1, mRNA [NM_033035]
A_23_P109143	3.28	0.00002	PRNP	NM_000311	Homo sapiens prion protein (p27-30) (Creutzfeldt-Jakob disease, Gerstmann-Strausler-Scheinker syndrome, fatal familial insomnia) (PRNP), transcript variant 1, mRNA [NM_000311]
A_24_P347411	3.27	0.00346	POSTN	NM_006475	Homo sapiens periostin, osteoblast specific factor (POSTN), mRNA [NM_006475]
A_23_P209625	3.24	0.00476	CYP1B1	NM_000104	Homo sapiens cytochrome P450, family 1, subfamily B, polypeptide 1 (CYP1B1), mRNA [NM_000104]
A_23_P160559	3.22	0.00001	ECM1	NM_004425	Homo sapiens extracellular matrix protein 1 (ECM1), transcript variant 1, mRNA [NM_004425]
A_23_P94800	3.21	0.00159	S100A4	NM_002961	Homo sapiens S100 calcium binding protein A4 (S100A4), transcript variant 1, mRNA [NM_002961]
A_23_P16953	3.21	0.00038	HTR2B	NM_000867	Homo sapiens 5-hydroxytryptamine (serotonin) receptor 2B (HTR2B), mRNA [NM_000867]
A_24_P117410	3.20	0.00008	KLHDC7B	NM_138433	Homo sapiens kelch domain containing 7B (KLHDC7B), mRNA [NM_138433]
A_23_P391906	3.14	0.00007	KIAA1913	BC044246	Homo sapiens KIAA1913, mRNA (cDNA clone MGC:50847 IMAGE:5760073), complete cds. [BC044246]
A_23_P257043	3.13	0.00000	GEM	NM_005261	Homo sapiens GTP binding protein overexpressed in skeletal muscle (GEM), transcript variant 1, mRNA [NM_005261]
A_23_P21976	3.11	0.00029	CSPG4	NM_001897	Homo sapiens chondroitin sulfate proteoglycan 4 (CSPG4), mRNA [NM_001897]
A_23_P111701	3.11	0.00000	GNG11	NM_004126	Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), gamma 11 (GNG11), mRNA [NM_004126]
A_32_P178800	3.08	0.00060	ITGA2	NM_002203	Homo sapiens integrin, alpha 2 (CD49B, alpha 2 subunit of VLA-2 receptor) (ITGA2), mRNA [NM_002203]
A_23_P256190	3.08	0.00002	CDC42BPA	NM_014826	Homo sapiens CDC42 binding protein kinase alpha (DMPK-like) (CDC42BPA), transcript variant A, mRNA [NM_014826]
A_32_P95397	3.08	0.00000	ITGB1	NM_002211	Homo sapiens integrin, beta 1 (fibronectin receptor, beta polypeptide, antigen CD29 includes MDF2, MSK12) (ITGB1), transcript variant 1A, mRNA [NM_002211]
A_23_P61406	3.04	0.00009	SHC3	NM_016848	Homo sapiens SHC (Src homology 2 domain containing) transforming protein 3 (SHC3), mRNA [NM_016848]
A_24_P277934	3.03	0.00101	COL1A2	NM_000089	Homo sapiens collagen, type I, alpha 2 (COL1A2), mRNA [NM_000089]
A_23_P259692	3.03	0.00021	PSAT1	NM_058179	Homo sapiens phosphoserine aminotransferase 1 (PSAT1), transcript variant 1, mRNA [NM_058179]
A_23_P18713	3.01	0.00046	ABCG2	NM_004827	Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family G (WHITE), member 2 (ABCG2), mRNA [NM_004827]
A_23_P408363	3.01	0.00052	ENST00000376155	ENST00000376155	integrin, beta-like 1 (with EGF-like repeat domains) [Source:RefSeq_peptide;Acc:NP_004782] [ENST00000376155]
A_23_P66525	3.01	0.00002	HS3ST3A1	NM_006042	Homo sapiens heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 3A1 (HS3ST3A1), mRNA [NM_006042]
A_23_P207507	3.01	0.00008	ABCC3	NM_003786	Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 3 (ABCC3), mRNA [NM_003786]
A_24_P135322	3.01	0.00002	NRP1	NM_003873	Homo sapiens neuropilin 1 (NRP1), transcript variant 1, mRNA [NM_003873]
A_23_P401606	2.99	0.00032	EDIL3	NM_005711	Homo sapiens EGF-like repeats and discoidin I-like domains 3 (EDIL3), mRNA [NM_005711]
A_23_P54243	2.98	0.00002	GPR68	NM_003485	Homo sapiens G protein-coupled receptor 68 (GPR68), mRNA [NM_003485]
A_23_P139704	2.97	0.00006	DUSP6	NM_001946	Homo sapiens dual specificity phosphatase 6 (DUSP6), transcript variant 1, mRNA [NM_001946]
A_23_P123645	2.97	0.00012	UGCG	ENST00000374279	Ceramide glucosyltransferase (EC 2.4.1.80) (Glucosylceramide synthase) (GCS) (UDP-glucose:N-acylsphingosine D-glucosyltransferase) (UDP-glucose ceramide glucosyltransferase) (GLCT-1). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q16739] [ENST00000374279]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P922261	2.96	0.00000	SRGAP1	BC029919	Homo sapiens SLIT-ROBO Rho GTPase activating protein 1, mRNA (cDNA clone IMAGE:4153945), with apparent retained intron. [BC029919]
A_23_P123336	2.94	0.00505	PPM2C	NM_018444	Homo sapiens protein phosphatase 2C, magnesium-dependent, catalytic subunit (PPM2C), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_018444]
A_23_P218918	2.93	0.00007	FGF2	NM_002006	Homo sapiens fibroblast growth factor 2 (basic) (FGF2), mRNA [NM_002006]
A_23_P70398	2.92	0.00037	VEGFA	NM_003376	Homo sapiens vascular endothelial growth factor A (VEGFA), transcript variant 2, mRNA [NM_003376]
A_24_P365975	2.92	0.00040	COL8A2	NM_005202	Homo sapiens collagen, type VIII, alpha 2 (COL8A2), mRNA [NM_005202]
A_23_P374695	2.92	0.00106	TEK	NM_000459	Homo sapiens TEK tyrosine kinase, endothelial (venous malformations, multiple cutaneous and mucosa) (TEK), mRNA [NM_000459]
A_24_P391987	2.90	0.00020	LOC401152	NM_001001701	Homo sapiens HCV F-transactivated protein 1 (LOC401152), mRNA [NM_001001701]
A_24_P277211	2.89	0.00002	HRH1	NM_000861	Homo sapiens histamine receptor H1 (HRH1), mRNA [NM_000861]
A_24_P598836	2.89	0.00003	ITGB1	AF086249	Homo sapiens full length insert cDNA clone ZD39G09. [AF086249]
A_23_P80974	2.89	0.00245	TDO2	NM_005651	Homo sapiens tryptophan 2,3-dioxygenase (TDO2), mRNA [NM_005651]
A_23_P160466	2.88	0.00003	SLC19A2	NM_006996	Homo sapiens solute carrier family 19 (thiamine transporter), member 2 (SLC19A2), mRNA [NM_006996]
A_32_P40288	2.88	0.00005	KIAA1913	NM_052913	Homo sapiens KIAA1913 (KIAA1913), mRNA [NM_052913]
A_23_P167367	2.88	0.00212	PITX2	NM_153426	Homo sapiens paired-like homeodomain transcription factor 2 (PITX2), transcript variant 2, mRNA [NM_153426]
A_23_P360754	2.86	0.00005	ADAMTS4	NM_005099	Homo sapiens ADAM metalloproteinase with thrombospondin type 1 motif, 4 (ADAMTS4), mRNA [NM_005099]
A_23_P45424	2.86	0.00002	ITGB1BP2	NM_012278	Homo sapiens integrin beta 1 binding protein (melusin) 2 (ITGB1BP2), mRNA [NM_012278]
A_23_P301521	2.86	0.00021	KIAA1462	ENST00000375377	Novel protein. [Source:Uniprot/SPTREMBL;Acc:Q5T5992] [ENST00000375377]
A_23_P153745	2.84	0.00224	IFI30	NM_006332	Homo sapiens interferon, gamma-inducible protein 30 (IFI30), mRNA [NM_006332]
A_23_P65518	2.84	0.00219	DACT1	NM_016651	Homo sapiens dapper, antagonist of beta-catenin, homolog 1 (Xenopus laevis) (DACT1), transcript variant 1, mRNA [NM_016651]
A_23_P17655	2.83	0.00002	KCNJ15	NM_170736	Homo sapiens potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 15 (KCNJ15), transcript variant 1, mRNA [NM_170736]
A_23_P76488	2.82	0.00030	EMP1	NM_001423	Homo sapiens epithelial membrane protein 1 (EMP1), mRNA [NM_001423]
A_24_P270044	2.81	0.00001	ASAM	NM_024769	Homo sapiens adipocyte-specific adhesion molecule (ASAM), mRNA [NM_024769]
A_23_P151337	2.81	0.00004	DLEU1	NR_002605	Homo sapiens deleted in lymphocytic leukemia, 1 (DLEU1) on chromosome 13 [NR_002605]
A_24_P23625	2.81	0.00020	HS3ST3B1	ENST00000360954	Heparan sulfate glucosaminyl 3-O-sulfotransferase 3B1 (EC 2.8.2.30) (Heparan sulfate D-glucosaminyl 3-O-sulfotransferase 3B1) (Heparan sulfate 3-O-sulfotransferase 3B1) (h3-OST-3B). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q9Y662] [ENST00000360954]
A_23_P13740	2.80	0.00000	NAV3	NM_014903	Homo sapiens neuron navigator 3 (NAV3), mRNA [NM_014903]
A_23_P111260	2.79	0.00003	NT5E	NM_002526	Homo sapiens 5'-nucleotidase, ecto (CD73) (NT5E), mRNA [NM_002526]
A_23_P140256	2.78	0.00017	NP	NM_000270	Homo sapiens nucleoside phosphorylase (NP), mRNA [NM_000270]
A_23_P501007	2.77	0.00017	EFEMP1	NM_004105	Homo sapiens EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 1 (EFEMP1), transcript variant 1, mRNA [NM_004105]
A_23_P379034	2.75	0.00003	BAIAP2L2	NM_025045	Homo sapiens BAI1-associated protein 2-like 2 (BAIAP2L2), mRNA [NM_025045]
A_23_P58796	2.73	0.00005	RGMB	NM_001012761	Homo sapiens RGM domain family, member B (RGMB), transcript variant 1, mRNA [NM_001012761]
A_23_P72096	2.73	0.00058	IL1A	NM_000575	Homo sapiens interleukin 1, alpha (IL1A), mRNA [NM_000575]
A_23_P144071	2.70	0.00096	COL7A1	NM_000094	Homo sapiens collagen, type VII, alpha 1 (epidermolysis bullosa, dystrophic, dominant and recessive) (COL7A1), mRNA [NM_000094]
A_23_P65678	2.70	0.00030	FBN1	NM_000138	Homo sapiens fibrillin 1 (FBN1), mRNA [NM_000138]
A_23_P18806	2.69	0.00011	YIPF5	NM_030799	Homo sapiens Yip1 domain family, member 5 (YIPF5), transcript variant 2, mRNA [NM_030799]
A_24_P192262	2.69	0.00001	RALA	NM_005402	Homo sapiens v-ras simian leukemia viral oncogene homolog A (ras related) (RALA), mRNA [NM_005402]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P38106	2.69	0,00002	SPHK1	NM_021972	Homo sapiens sphingosine kinase 1 (SPHK1), transcript variant 1, mRNA [NM_021972]
A_23_P53390	2.67	0,00000	PTPRB	NM_002837	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, B (PTPRB), mRNA [NM_002837]
A_23_P109636	2.66	0,00057	LRIG1	NM_015541	Homo sapiens leucine-rich repeats and immunoglobulin-like domains 1 (LRIG1), mRNA [NM_015541]
A_23_P160318	2.66	0,00087	COL16A1	NM_001856	Homo sapiens collagen, type XVI, alpha 1 (COL16A1), mRNA [NM_001856]
A_23_P169909	2.66	0,00003	DGKI	NM_004717	Homo sapiens diacylglycerol kinase, iota (DGKI), mRNA [NM_004717]
A_23_P330070	2.63	0,00289	TFPI	NM_001032281	Homo sapiens tissue factor pathway inhibitor (lipoprotein-associated coagulation inhibitor) (TFPI), transcript variant 2, mRNA [NM_001032281]
A_24_P56388	2.62	0,00006	HIF1A	NM_181054	Homo sapiens hypoxia-inducible factor 1, alpha subunit (basic helix-loop-helix transcription factor) (HIF1A), transcript variant 2, mRNA [NM_181054]
A_23_P250800	2.62	0,00003	ST3GAL6	NM_006100	Homo sapiens ST3 beta-galactoside alpha-2,3-sialyltransferase 6 (ST3GAL6), mRNA [NM_006100]
A_23_P107612	2.62	0,00097	RAB27B	NM_004163	Homo sapiens RAB27B, member RAS oncogene family (RAB27B), mRNA [NM_004163]
A_24_P915806	2.60	0,00002	HNMT	NM_001024074	Homo sapiens histamine N-methyltransferase (HNMT), transcript variant 2, mRNA [NM_001024074]
A_23_P131263	2.59	0,00092	MPP4	NM_033066	Homo sapiens membrane protein, palmitoylated 4 (MAGUK p55 subfamily member 4) (MPP4), mRNA [NM_033066]
A_23_P160159	2.59	0,00478	SLC2A5	NM_003039	Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose/fructose transporter), member 5 (SLC2A5), mRNA [NM_003039]
A_23_P121082	2.59	0,00040	GBE1	NM_000158	Homo sapiens glucan (1,4-alpha-), branching enzyme 1 (glycogen branching enzyme, Andersen disease, glycogen storage disease type IV) (GBE1), mRNA [NM_000158]
A_23_P256391	2.58	0,00001	GOLGA4	NM_002078	Homo sapiens golgi autoantigen, golgin subfamily a, 4 (GOLGA4), mRNA [NM_002078]
A_23_P67529	2.57	0,00019	KCNN4	NM_002250	Homo sapiens potassium intermediate/small conductance calcium-activated channel, subfamily N, member 4 (KCNN4), mRNA [NM_002250]
A_23_P55477	2.57	0,00003	ADORA2B	NM_000676	Homo sapiens adenosine A2b receptor (ADORA2B), mRNA [NM_000676]
A_23_P31073	2.57	0,00017	MYB	NM_005375	Homo sapiens v-myb myeloblastosis viral oncogene homolog (avian) (MYB), mRNA [NM_005375]
A_23_P134454	2.57	0,00144	CAV1	NM_001753	Homo sapiens caveolin 1, caveolae protein, 22kDa (CAV1), mRNA [NM_001753]
A_24_P200420	2.56	0,00008	SLC7A11	NM_014331	Homo sapiens solute carrier family 7, (cationic amino acid transporter, y+ system) member 11 (SLC7A11), mRNA [NM_014331]
A_23_P122924	2.56	0,00195	INHBA	NM_002192	Homo sapiens inhibin, beta A (activin A, activin AB alpha polypeptide) (INHBA), mRNA [NM_002192]
A_23_P149345	2.55	0,00011	PTPN22	NM_015967	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 22 (lymphoid) (PTPN22), transcript variant 1, mRNA [NM_015967]
A_23_P71037	2.55	0,00722	IL6	NM_000600	Homo sapiens interleukin 6 (interferon, beta 2) (IL6), mRNA [NM_000600]
A_23_P161190	2.55	0,00070	VIM	NM_003380	Homo sapiens vimentin (VIM), mRNA [NM_003380]
A_23_P213319	2.55	0,00001	ADAMTS6	NM_197941	Homo sapiens ADAM metalloproteinase with thrombospondin type 1 motif, 6 (ADAMTS6), mRNA [NM_197941]
A_24_P916816	2.54	0,00001	SP100	L79989	Homo sapiens nuclear autoantigen mRNA, partial cds; alternatively spliced. [L79989]
A_23_P70660	2.53	0,00034	FAM46A	NM_017633	Homo sapiens family with sequence similarity 46, member A (FAM46A), mRNA [NM_017633]
A_23_P46936	2.53	0,00650	EGR2	NM_000399	Homo sapiens early growth response 2 (Krox-20 homolog, Drosophila) (EGR2), mRNA [NM_000399]
A_23_P211007	2.52	0,00004	NRIP1	NM_003489	Homo sapiens nuclear receptor interacting protein 1 (NRIP1), mRNA [NM_003489]
A_24_P175519	2.52	0,00003	TXN	NM_003329	Homo sapiens thioredoxin (TXN), mRNA [NM_003329]
A_24_P787914	2.50	0,00067	U25029	U25029	Human glucocorticoid receptor alpha mRNA, variant 3' UTR. [U25029]
A_24_P261417	2.50	0,00000	DKK3	NM_015881	Homo sapiens dickkopf homolog 3 (Xenopus laevis) (DKK3), transcript variant 1, mRNA [NM_015881]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P100868	2,49	0,00014	MYOHD1	NM_001033580	Homo sapiens myosin head domain containing 1 (MYOHD1), transcript variant 3, mRNA [NM_001033580]
A_23_P165657	2,48	0,00031	SLC20A1	NM_005415	Homo sapiens solute carrier family 20 (phosphate transporter), member 1 (SLC20A1), mRNA [NM_005415]
A_23_P20443	2,47	0,00037	LZTS1	NM_021020	Homo sapiens leucine zipper, putative tumor suppressor 1 (LZTS1), mRNA [NM_021020]
A_23_P147805	2,47	0,00005	UPP1	BC047030	Homo sapiens uridine phosphorylase 1, mRNA (cDNA clone MGC:54255 IMAGE:5549432), complete cds. [BC047030]
A_23_P258698	2,47	0,00267	MANBA	NM_005908	Homo sapiens mannosidase, beta A, lysosomal (MANBA), mRNA [NM_005908]
A_32_P309404	2,46	0,00074	SLC22A3	NM_021977	Homo sapiens solute carrier family 22 (extraneuronal monoamine transporter), member 3 (SLC22A3), mRNA [NM_021977]
A_23_P368886	2,46	0,00000	CHSY-2	NM_175856	Homo sapiens chondroitin synthase-2 (CHSY-2), mRNA [NM_175856]
A_32_P5040	2,45	0,00759	NOTCH2NL	NM_203458	Homo sapiens Notch homolog 2 (Drosophila) N-terminal like (NOTCH2NL), mRNA [NM_203458]
A_23_P37244	2,45	0,00004	SNAPC1	NM_003082	Homo sapiens small nuclear RNA activating complex, polypeptide 1, 43kDa (SNAPC1), mRNA [NM_003082]
A_23_P53588	2,44	0,00041	WNT5B	NM_030775	Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 5B (WNT5B), transcript variant 2, mRNA [NM_030775]
A_23_P422083	2,44	0,00002	TMEM55A	NM_018710	Homo sapiens transmembrane protein 55A (TMEM55A), mRNA [NM_018710]
A_23_P300033	2,44	0,00018	PDGFRA	NM_006206	Homo sapiens platelet-derived growth factor receptor, alpha polypeptide (PDGFRA), mRNA [NM_006206]
A_23_P354805	2,44	0,00001	KLF12	NM_007249	Homo sapiens Kruppel-like factor 12 (KLF12), mRNA [NM_007249]
A_24_P160401	2,44	0,00264	CDCP1	NM_178181	Homo sapiens CUB domain containing protein 1 (CDCP1), transcript variant 2, mRNA [NM_178181]
A_23_P106194	2,43	0,00130	FOS	NM_005252	Homo sapiens v-fos FBJ murine osteosarcoma viral oncogene homolog (FOS), mRNA [NM_005252]
A_23_P214059	2,43	0,00014	NR3C1	NM_000176	Homo sapiens nuclear receptor subfamily 3, group C, member 1 (glucocorticoid receptor) (NR3C1), transcript variant 5, mRNA [NM_000176]
A_23_P97181	2,42	0,00000	GREM2	NM_022469	Homo sapiens gremlin 2, cysteine knot superfamily, homolog (Xenopus laevis) (GREM2), mRNA [NM_022469]
A_23_P28169	2,42	0,00008	ARL6IP6	NM_152522	Homo sapiens ADP-ribosylation-like factor 6 interacting protein 6 (ARL6IP6), mRNA [NM_152522]
A_23_P131846	2,41	0,00105	SNAIL	NM_005985	Homo sapiens snail homolog 1 (Drosophila) (SNAIL), mRNA [NM_005985]
A_23_P18372	2,41	0,00015	B3GNT5	NM_032047	Homo sapiens UDP-GlcNAc:betaGal beta-1,3-N-acetylglucosaminyltransferase 5 (B3GNT5), mRNA [NM_032047]
A_32_P153812	2,41	0,00142	TMEM132B	NM_052907	Homo sapiens transmembrane protein 132B (TMEM132B), mRNA [NM_052907]
A_23_P145965	2,41	0,00037	TPST1	NM_003596	Homo sapiens tyrosylprotein sulfotransferase 1 (TPST1), mRNA [NM_003596]
A_32_P192692	2,40	0,00015	KCNMA1	NM_001014797	Homo sapiens potassium large conductance calcium-activated channel, subfamily M, alpha member 1 (KCNMA1), transcript variant 1, mRNA [NM_001014797]
A_23_P18656	2,39	0,00000	SCLT1	NM_144643	Homo sapiens sodium channel and clathrin linker 1 (SCLT1), mRNA [NM_144643]
A_23_P56505	2,38	0,00000	ITGA4	NM_000885	Homo sapiens integrin, alpha 4 (antigen CD49D, alpha 4 subunit of VLA-4 receptor) (ITGA4), mRNA [NM_000885]
A_23_P209394	2,38	0,00019	CFLAR	AF009616	Homo sapiens FLAME-1 mRNA, complete cds. [AF009616]
A_24_P672240	2,38	0,00005	FRMPD4	ENST00000380682	PDZ domain containing 10 [Source:RefSeq_peptide;Acc:NP_055543] [ENST00000380682]
A_24_P856722	2,38	0,00015	CV573177	CV573177	od33b1.1.Y1 Human keratoconus cornea, unamplified, (od [CV573177])
A_23_P348257	2,38	0,00128	NUAK1	NM_014840	Homo sapiens NUAK family, SNF-1-like kinase, 1 (NUAK1), mRNA [NM_014840]
A_24_P205994	2,37	0,00030	EPGN	NM_001013442	Homo sapiens epithelial mitogen homolog (mouse) (EPGN), mRNA [NM_001013442]
A_23_P17095	2,37	0,00612	TFPI	NM_006287	Homo sapiens tissue factor pathway inhibitor (lipoprotein-associated coagulation inhibitor) (TFPI), transcript variant 1, mRNA [NM_006287]
A_32_P155247	2,37	0,00003	FTL	NM_000146	Homo sapiens ferritin, light polypeptide (FTL), mRNA [NM_000146]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P132956	2,35	0,00008	UCHL1	NM_004181	Homo sapiens ubiquitin carboxyl-terminal esterase L1 (ubiquitin thiolesterase) (UCHL1), mRNA [NM_004181]
A_23_P104199	2,35	0,00007	ITGB1	NM_133376	Homo sapiens integrin, beta 1 (fibronectin receptor, beta polypeptide, antigen CD29 includes MDF2, MSK12) (ITGB1), transcript variant 1E, mRNA [NM_133376]
A_23_P315364	2,35	0,00141	CXCL2	NM_002089	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 2 (CXCL2), mRNA [NM_002089]
A_23_P87752	2,33	0,00000	LEPREL2	NM_014262	Homo sapiens leprecan-like 2 (LEPREL2), mRNA [NM_014262]
A_23_P106844	2,33	0,00018	MT2A	NM_005953	Homo sapiens metallothionein 2A (MT2A), mRNA [NM_005953]
A_24_P82032	2,33	0,00003	RHOJ	NM_020663	Homo sapiens ras homolog gene family, member J (RHOJ), mRNA [NM_020663]
A_23_P113701	2,32	0,00042	PDGFA	NM_002607	Homo sapiens platelet-derived growth factor alpha polypeptide (PDGFA), transcript variant 1, mRNA [NM_002607]
A_24_P251599	2,32	0,00043	CAV3	NM_001234	Homo sapiens caveolin 3 (CAV3), transcript variant 2, mRNA [NM_001234]
A_24_P686992	2,32	0,00095	ENST00000288911	ENST00000288911	Ankyrin repeat domain-containing protein 36A. [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q6UX02][ENST00000288911]
A_23_P72487	2,31	0,00888	XG	NM_175569	Homo sapiens Xg blood group (XG), mRNA [NM_175569]
A_23_P46928	2,31	0,00021	PFKP	NM_002627	Homo sapiens phosphofructokinase, platelet (PFKP), mRNA [NM_002627]
A_23_P354694	2,30	0,00255	WISP1	NM_003882	Homo sapiens WNT1 inducible signaling pathway protein 1 (WISP1), transcript variant 1, mRNA [NM_003882]
A_23_P48897	2,30	0,00033	CCPG1	AF011794	Homo sapiens cell cycle progression restoration 8 protein (CPR8) mRNA, complete cds. [AF011794]
A_24_P39378	2,29	0,00015	CCPG1	NM_004748	Homo sapiens cell cycle progression 1 (CCPG1), transcript variant 1, mRNA [NM_004748]
A_23_P28857	2,29	0,00092	SIRPG	NM_080816	Homo sapiens signal-regulatory protein gamma (SIRPG), transcript variant 2, mRNA [NM_080816]
A_23_P81805	2,29	0,00036	VEGFA	NM_001025366	Homo sapiens vascular endothelial growth factor A (VEGFA), transcript variant 1, mRNA [NM_001025366]
A_23_P11685	2,29	0,00016	PLA2G4A	NM_024420	Homo sapiens phospholipase A2, group IVA (cytosolic, calcium-dependent) (PLA2G4A), mRNA [NM_024420]
A_32_P399546	2,29	0,00071	ARNTL2	AF256215	Homo sapiens cycle-like factor CLIF mRNA, complete cds. [AF256215]
A_23_P86012	2,29	0,00037	LAMB3	NM_001017402	Homo sapiens laminin, beta 3 (LAMB3), transcript variant 2, mRNA [NM_001017402]
A_24_P136453	2,29	0,00003	TNS1	NM_022648	Homo sapiens tensin 1 (TNS1), mRNA [NM_022648]
A_23_P111995	2,29	0,00005	LOXL2	NM_002318	Homo sapiens lysyl oxidase-like 2 (LOXL2), mRNA [NM_002318]
A_23_P388900	2,28	0,00001	SLC22A15	NM_018420	Homo sapiens solute carrier family 22 (organic cation transporter), member 15 (SLC22A15), mRNA [NM_018420]
A_24_P60887	2,28	0,00000	ANGPT1	NM_001146	Homo sapiens angiotensin 1 (ANGPT1), mRNA [NM_001146]
A_23_P155989	2,28	0,00202	CENPK	NM_022145	Homo sapiens centromere protein K (CENPK), mRNA [NM_022145]
A_23_P360340	2,28	0,00006	UACA	NM_001008224	Homo sapiens uveal autoantigen with coiled-coil domains and ankyrin repeats (UACA), transcript variant 2, mRNA [NM_001008224]
A_24_P301146	2,27	0,00151	LMO7	NM_005358	Homo sapiens LIM domain 7 (LMO7), mRNA [NM_005358]
A_23_P416395	2,27	0,00566	STC2	NM_003714	Homo sapiens stanniocalcin 2 (STC2), mRNA [NM_003714]
A_23_P16047	2,27	0,00493	GPR4	NM_005282	Homo sapiens G protein-coupled receptor 4 (GPR4), mRNA [NM_005282]
A_23_P52986	2,27	0,00223	VWCE	NM_152718	Homo sapiens von Willebrand factor C and EGF domains (VWCE), mRNA [NM_152718]
A_23_P151075	2,26	0,00206	ARHGDIB	NM_001175	Homo sapiens Rho GDP dissociation inhibitor (GDI) beta (ARHGDIB), mRNA [NM_001175]
A_23_P380208	2,26	0,00012	VEPH1	NM_024621	Homo sapiens ventricular zone expressed PH domain homolog 1 (zebrafish) (VEPH1), mRNA [NM_024621]
A_23_P9883	2,25	0,00038	NLRP3	NM_004895	Homo sapiens NLR family, pyrin domain containing 3 (NLRP3), transcript variant 1, mRNA [NM_004895]
A_23_P302060	2,25	0,00018	IFNE1	NM_176891	Homo sapiens interferon epsilon 1 (IFNE1), mRNA [NM_176891]
A_32_P57140	2,25	0,00001	JMJD1C	NM_032776	Homo sapiens jumonji domain containing 1C (JMJD1C), transcript variant 1, mRNA [NM_032776]
A_32_P175739	2,25	0,00004	HK2	NM_000189	Homo sapiens hexokinase 2 (HK2), mRNA [NM_000189]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P144578	2,25	0,00001	GNPDA2	NM_138335	Homo sapiens glucosamine-6-phosphate deaminase 2 (GNPDA2), mRNA [NM_138335]
A_23_P72663	2,24	0,00127	OPCML	NM_001012393	Homo sapiens oploid binding protein/cell adhesion molecule-like (OPCML), transcript variant 2, mRNA [NM_001012393]
A_24_P237586	2,24	0,00089	ANKRD37	NM_181726	Homo sapiens ankyrin repeat domain 37 (ANKRD37), mRNA [NM_181726]
A_23_P47924	2,24	0,00006	PTPRR	NM_002849	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, R (PTPRR), transcript variant 1, mRNA [NM_002849]
A_24_P304051	2,24	0,00001	GSTO1	NM_004832	Homo sapiens glutathione S-transferase omega 1 (GSTO1), mRNA [NM_004832]
A_23_P416608	2,24	0,00000	LAMP2	NM_013995	Homo sapiens lysosomal-associated membrane protein 2 (LAMP2), transcript variant LAMP2B, mRNA [NM_013995]
A_23_P312415	2,24	0,00011	ADAMTSL1	NM_052866	Homo sapiens ADAMTSL-like 1 (ADAMTSL1), transcript variant 2, mRNA [NM_052866]
A_23_P217384	2,23	0,00000	AP1S2	NM_003916	Homo sapiens adaptor-related protein complex 1, sigma 2 subunit (AP1S2), mRNA [NM_003916]
A_23_P208389	2,23	0,00006	AXL	NM_021913	Homo sapiens AXL receptor tyrosine kinase (AXL), transcript variant 1, mRNA [NM_021913]
A_24_P148261	2,23	0,00094	TGFB2	ENST00000366930	Transforming growth factor beta-2 precursor (TGF-beta-2) (Glioblastoma-derived T-cell suppressor factor) (G-TSF) (BSC-1 cell growth inhibitor) (Polygerin) (Cetermin). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P61812] [ENST00000366930]
A_23_P431388	2,23	0,00003	SPOCD1	NM_144569	Homo sapiens SPOC domain containing 1 (SPOCD1), mRNA [NM_144569]
A_23_P200001	2,23	0,00119	NEXN	NM_144573	Homo sapiens nexlin (F actin binding protein) (NEXN), mRNA [NM_144573]
A_24_P916266	2,23	0,00013	ZNF175	BC007778	Homo sapiens zinc finger protein 175, mRNA (cDNA clone IMAGE:4301632), partial cds. [BC007778]
A_23_P47682	2,23	0,00054	NRIP3	NM_020645	Homo sapiens nuclear receptor interacting protein 3 (NRIP3), mRNA [NM_020645]
A_32_P212886	2,22	0,00004	TBXAS1	BC014117	Homo sapiens thromboxane A synthase 1 (platelet, cytochrome P450, family 5, subfamily A), mRNA (cDNA clone MGC:20885 IMAGE:4548935), complete cds. [BC014117]
A_23_P157926	2,22	0,00296	LINGO2	NM_152570	Homo sapiens leucine rich repeat and Ig domain containing 2 (LINGO2), mRNA [NM_152570]
A_23_P158096	2,21	0,00027	COL27A1	AK021957	Homo sapiens cDNA FLJ11895 fis, clone HEMBA1007301, weakly similar to COLLAGEN ALPHA 1(III) CHAIN. [AK021957]
A_32_P144852	2,21	0,00002	CR622110	CR622110	full-length cDNA clone CS0DC025YP03 of Neuroblastoma Cot 25-normalized of Homo sapiens (human) [CR622110]
A_23_P128147	2,21	0,00011	TUBA1B	NM_006082	Homo sapiens tubulin, alpha 1b (TUBA1B), mRNA [NM_006082]
A_23_P104372	2,21	0,00009	DNAJC9	NM_015190	Homo sapiens DnaJ (Hsp40) homolog, subfamily C, member 9 (DNAJC9), mRNA [NM_015190]
A_23_P8763	2,21	0,00002	PTPN12	NM_002835	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 12 (PTPN12), mRNA [NM_002835]
A_23_P252413	2,20	0,00050	MT2A	ENST00000245185	Metallothionein-2 (MT-2) (Metallothionein-II) (MT-II) (Metallothionein-2A). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P02795] [ENST00000245185]
A_24_P239385	2,20	0,00001	AB062480	AB062480	Homo sapiens OK/SW-cl.79 mRNA, complete cds. [AB062480]
A_23_P143845	2,20	0,00489	TIPARP	NM_015508	Homo sapiens TCDD-inducible poly(ADP-ribose) polymerase (TIPARP), mRNA [NM_015508]
A_32_P179177	2,18	0,00001	SYT15	NM_181519	Homo sapiens synaptotagmin XV (SYT15), transcript variant b, mRNA [NM_181519]
A_23_P253524	2,18	0,00455	CENPE	NM_001813	Homo sapiens centromere protein E, 312kDa (CENPE), mRNA [NM_001813]
A_24_P319942	2,18	0,00001	SSR3	NM_007107	Homo sapiens signal sequence receptor, gamma (translocon-associated protein gamma) (SSR3), mRNA [NM_007107]
A_23_P3767	2,18	0,00047	NFAT5	NM_173215	Homo sapiens nuclear factor of activated T-cells 5, tonicity-responsive (NFAT5), transcript variant 5, mRNA [NM_173215]
A_23_P133408	2,18	0,00003	CSF2	NM_000758	Homo sapiens colony stimulating factor 2 (granulocyte-macrophage) (CSF2), mRNA [NM_000758]
A_24_P153511	2,17	0,00061	OSBPL8	NM_020841	Homo sapiens oxysterol binding protein-like 8 (OSBPL8), transcript variant 1, mRNA [NM_020841]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P127957	2,17	0,00907	P4HA3	NM_182904	Homo sapiens procollagen-proline, 2-oxoglutarate 4-dioxygenase (proline 4-hydroxylase), alpha polypeptide III (P4HA3), mRNA [NM_182904]
A_23_P154566	2,17	0,00015	TOX2	NM_032883	Homo sapiens TOX high mobility group box family member 2 (TOX2), mRNA [NM_032883]
A_32_P162726	2,17	0,00004	AF126109	AF126109	Homo sapiens clone TA40 untranslated mRNA, complete sequence. [AF126109]
A_23_P105251	2,17	0,00001	GLI1	NM_005269	Homo sapiens glioma-associated oncogene homolog 1 (zinc finger protein) (GLI1), mRNA [NM_005269]
A_24_P278156	2,16	0,00011	TMEM38B	NM_018112	Homo sapiens transmembrane protein 38B (TMEM38B), mRNA [NM_018112]
A_32_P99100	2,16	0,00001	PTPRK	NM_002844	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, K (PTPRK), mRNA [NM_002844]
A_23_P386478	2,15	0,00023	TNIP3	NM_024873	Homo sapiens TNFAIP3 interacting protein 3 (TNIP3), mRNA [NM_024873]
A_23_P26124	2,15	0,00453	RORA	NM_134260	Homo sapiens RAR-related orphan receptor A (RORA), transcript variant 2, mRNA [NM_134260]
A_23_P71989	2,15	0,00005	UPP1	NM_181597	Homo sapiens uridine phosphorylase 1 (UPP1), transcript variant 2, mRNA [NM_181597]
A_23_P56553	2,14	0,00006	METTL8	NM_024770	Homo sapiens methyltransferase like 8 (METTL8), mRNA [NM_024770]
A_24_P923251	2,14	0,00002	TGM2	NM_198951	Homo sapiens transglutaminase 2 (C polypeptide, protein-glutamine-gamma-glutamyltransferase) (TGM2), transcript variant 2, mRNA [NM_198951]
A_24_P161525	2,14	0,00075	HSP90AB3P	AY956764	Homo sapiens heat shock protein 90Bc (HSP90Bc) mRNA, complete cds. [AY956764]
A_23_P70328	2,14	0,00682	CENPQ	NM_018132	Homo sapiens centromere protein Q (CENPQ), mRNA [NM_018132]
A_24_P255524	2,14	0,00454	CALD1	AF247820	Homo sapiens NAG22 protein mRNA, complete cds. [AF247820]
A_24_P256583	2,14	0,00004	TMEM65	NM_194291	Homo sapiens transmembrane protein 65 (TMEM65), mRNA [NM_194291]
A_23_P142560	2,13	0,00001	ZEB2	NM_014795	Homo sapiens zinc finger E-box binding homeobox 2 (ZEB2), mRNA [NM_014795]
A_23_P170733	2,13	0,00002	ANTXR2	NM_058172	Homo sapiens anthrax toxin receptor 2 (ANTXR2), mRNA [NM_058172]
A_23_P86931	2,13	0,00005	SLC37A2	NM_198277	Homo sapiens solute carrier family 37 (glycerol-3-phosphate transporter), member 2 (SLC37A2), mRNA [NM_198277]
A_23_P502520	2,12	0,00005	IL4I1	NM_172374	Homo sapiens interleukin 4 induced 1 (IL4I1), transcript variant 2, mRNA [NM_172374]
A_23_P256334	2,12	0,00023	ITGA1	NM_181501	Homo sapiens integrin, alpha 1 (ITGA1), mRNA [NM_181501]
A_23_P200015	2,12	0,00139	AK5	NM_174858	Homo sapiens adenylylate kinase 5 (AK5), transcript variant 1, mRNA [NM_174858]
A_23_P19333	2,12	0,00364	TREM1	NM_018643	Homo sapiens triggering receptor expressed on myeloid cells 1 (TREM1), mRNA [NM_018643]
A_24_P81965	2,12	0,00000	RAP2A	NM_021033	Homo sapiens RAP2A, member of RAS oncogene family (RAP2A), mRNA [NM_021033]
A_23_P417404	2,11	0,00001	FAM129B	AF151783	Homo sapiens MEG3 (MEG3) mRNA, complete cds. [AF151783]
A_24_P69439	2,10	0,00005	SLC25A32	NM_030780	Homo sapiens solute carrier family 25, member 32 (SLC25A32), mRNA [NM_030780]
A_23_P91900	2,10	0,00331	SMC4	NM_005496	Homo sapiens structural maintenance of chromosomes 4 (SMC4), transcript variant 1, mRNA [NM_005496]
A_23_P254271	2,09	0,00001	TUBB6	NM_032525	Homo sapiens tubulin, beta 6 (TUBB6), mRNA [NM_032525]
A_32_P233735	2,09	0,00701	FAM40B	NM_020704	Homo sapiens family with sequence similarity 40, member B (FAM40B), mRNA [NM_020704]
A_23_P31765	2,09	0,00301	PKIA	NM_006823	Homo sapiens protein kinase (cAMP-dependent, catalytic) inhibitor alpha (PKIA), transcript variant 6, mRNA [NM_006823]
A_23_P48080	2,09	0,00012	LOC283345	AY672103	Homo sapiens RRPL13L mRNA, partial sequence. [AY672103]
A_23_P66190	2,09	0,00064	VAC14	U25801	Human Tax1 binding protein mRNA, partial cds. [U25801]
A_23_P377957	2,09	0,00056	KCTD12	NM_138444	Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 12 (KCTD12), mRNA [NM_138444]
A_23_P51986	2,09	0,00026	MTMR11	NM_181873	Homo sapiens myotubularin related protein 11 (MTMR11), mRNA [NM_181873]
A_23_P50146	2,09	0,00043	CD33L3	NM_213602	Homo sapiens CD33 molecule-like 3 (CD33L3), mRNA [NM_213602]
A_23_P48056	2,09	0,00243	CKAP4	NM_006825	Homo sapiens cytoskeleton-associated protein 4 (CKAP4), mRNA [NM_006825]
A_24_P65060	2,09	0,00607	RKHD3	NM_032246	Homo sapiens ring finger and KH domain containing 3 (RKHD3), mRNA [NM_032246]
A_23_P41948	2,08	0,00041	CCDC99	NM_017785	Homo sapiens coiled-coil domain containing 99 (CCDC99), mRNA [NM_017785]
A_23_P15394	2,08	0,00006	CD68	NM_001251	Homo sapiens CD68 molecule (CD68), transcript variant 1, mRNA [NM_001251]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P330303	2,08	0,00014	FRMD6	NM_152330	Homo sapiens FERM domain containing 6 (FRMD6), transcript variant 2, mRNA [NM_152330]
A_23_P89601	2,08	0,00874	KRT32	NM_002278	Homo sapiens keratin 32 (KRT32), mRNA [NM_002278]
A_24_P684186	2,08	0,00024	U52054	U52054	Human S6 H-8 mRNA expressed in chromosome 6-suppressed melanoma cells. [U52054]
A_23_P105442	2,08	0,00181	GRASP	NM_181711	Homo sapiens GRP1 (general receptor for phosphoinositides 1)-associated scaffold protein (GRASP), mRNA [NM_181711]
A_23_P214176	2,08	0,00003	CD109	NM_133493	Homo sapiens CD109 molecule (CD109), mRNA [NM_133493]
A_32_P104063	2,07	0,00007	AF275804	AF275804	Homo sapiens PNAS-108 mRNA, partial sequence. [AF275804]
A_24_P42517	2,07	0,00006	KDELR2	NM_006854	Homo sapiens KDELR2 (Lys-Asp-Glu-Leu) endoplasmic reticulum protein retention receptor 2 (KDELR2), mRNA [NM_006854]
A_32_P224094	2,07	0,00052	ZNF143	U09850	Human zinc finger protein (ZNF143) mRNA, complete cds. [U09850]
A_23_P213298	2,07	0,00004	ARSL	NM_024590	Homo sapiens arylsulfatase family, member J (ARSL), mRNA [NM_024590]
A_24_P280983	2,06	0,00484	HOXA11S	NR_002795	Homo sapiens homeobox A11, antisense (HOXA11S) on chromosome 7 [NR_002795]
A_23_P76731	2,06	0,00011	RAGE	NM_014226	Homo sapiens renal tumor antigen (RAGE), mRNA [NM_014226]
A_32_P48842	2,06	0,00000	AF109189	AF109189	Homo sapiens FWP007 mRNA, complete cds. [AF109189]
A_23_P318396	2,06	0,00342	CUGBP1	NM_198700	Homo sapiens CUG triplet repeat, RNA binding protein 1 (CUGBP1), transcript variant 2, mRNA [NM_198700]
A_24_P346807	2,06	0,00001	HERC4	NM_001017972	Homo sapiens hect domain and RLD 4 (HERC4), transcript variant 3, mRNA [NM_001017972]
A_24_P942481	2,05	0,00001	GPR180	NM_180989	Homo sapiens G protein-coupled receptor 180 (GPR180), mRNA [NM_180989]
A_23_P416305	2,05	0,00020	ENST00000356931	ENST00000356931	MGC10850 protein. [Source:Uniprot/SPTREMBL;Acc:Q96C21] [ENST00000356931]
A_23_P371076	2,05	0,00001	ENST00000377666	ENST00000377666	Kruppel-like factor 12 (Transcriptional repressor AP-2rep). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q9Y4X4] [ENST00000377666]
A_23_P360797	2,05	0,00019	NTF3	NM_002527	Homo sapiens neurotrophin 3 (NTF3), mRNA [NM_002527]
A_23_P213661	2,05	0,00001	HISPPD1	NM_015216	Homo sapiens histidine acid phosphatase domain containing 1 (HISPPD1), mRNA [NM_015216]
A_23_P422851	2,05	0,00006	CABLES1	NM_138375	Homo sapiens Cdk5 and Abl enzyme substrate 1 (CABLES1), mRNA [NM_138375]
A_24_P124558	2,04	0,00006	HOXC8	NM_022658	Homo sapiens homeobox C8 (HOXC8), mRNA [NM_022658]
A_23_P53546	2,04	0,00006	ENST00000229270	ENST00000229270	Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1) (TIM) (Triose-phosphate isomerase). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P60174] [ENST00000229270]
A_23_P153185	2,04	0,00649	SERPINB2	ENST00000299502	Plasminogen activator inhibitor 2 precursor (PAI-2) (Placental plasminogen activator inhibitor) (Monocyte Arg-serpin) (Urokinase inhibitor). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P05120] [ENST00000299502]
A_32_P77989	2,04	0,00861	NETO2	NM_018092	Homo sapiens neuropilin (NRP) and toll-like 2 (NETO2), mRNA [NM_018092]
A_24_P532589	2,04	0,00004	RP11-11C5.2	NM_001071775	Homo sapiens similar to RIKEN cDNA 2410129H14 (LOC440145), mRNA [NM_001071775]
A_23_P140848	2,03	0,00011	MPHOSPH6	NM_005792	Homo sapiens M-phase phosphoprotein 6 (MPHOSPH6), mRNA [NM_005792]
A_23_P25913	2,03	0,00002	DNAL1	NM_031427	Homo sapiens dynein, axonemal, light chain 1 (DNAL1), mRNA [NM_031427]
A_23_P88069	2,03	0,00028	LHFP	NM_005780	Homo sapiens lipoma HMGIC fusion partner (LHFP), mRNA [NM_005780]
A_23_P122915	2,02	0,00001	BR13	NM_015379	Homo sapiens brain protein 13 (BR13), mRNA [NM_015379]
A_23_P11372	2,02	0,00017	HPRT1	NM_000194	Homo sapiens hypoxanthine phosphoribosyltransferase 1 (Lesch-Nyhan syndrome) (HPRT1), mRNA [NM_000194]
A_23_P215341	2,02	0,00049	FKBP14	NM_017946	Homo sapiens FK506 binding protein 14, 22 kDa (FKBP14), mRNA [NM_017946]
A_24_P169148	2,01	0,00015	HMG1L1	NM_001008735	Homo sapiens high-mobility group (nonhistone chromosomal) protein 1-like 1 (HMG1L1), mRNA [NM_001008735]
A_24_P408736	2,01	0,00012	GALNT5	NM_014568	Homo sapiens UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 5 (GalNAc-T5) (GALNT5), mRNA [NM_014568]
A_23_P41054	2,01	0,00037	PTPRG	NM_002841	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, G (PTPRG), mRNA [NM_002841]
A_23_P420692	2,01	0,00373	PPFIA4	NM_015053	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, f polypeptide (PTPRF), interacting protein (Ipprin), alpha 4 (PPFIA4), mRNA [NM_015053]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P912372	2,01	0,00005	KIAA0754	AB018297	Homo sapiens mRNA for KIAA0754 protein, partial cds. [AB018297]
A_23_P22119	2,01	0,00004	PLEC1	NM_201380	Homo sapiens plectin 1, intermediate filament binding protein 500kDa (PLEC1), transcript variant 6, mRNA [NM_201380]
A_23_P200930	2,01	0,00001	MTR	NM_000254	Homo sapiens 5-methyltetrahydrofolate-homocysteine methyltransferase (MTR), mRNA [NM_000254]
A_24_P51067	2,01	0,00006	CEP290	NM_025114	Homo sapiens centrosomal protein 290kDa (CEP290), mRNA [NM_025114]
A_24_P417281	2,00	0,00003	TXNDC10	NM_019022	Homo sapiens thioredoxin domain containing 10 (TXNDC10), mRNA [NM_019022]
A_23_P201619	2,00	0,00007	NEK7	ENST00000367385	Serine/threonine-protein kinase Nek7 (EC 2.7.11.1) (NimA-related protein kinase 7). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q8TDX7] [ENS:00000367385]

GENES INDUCIDOS EN EL FENOTIPO NO EPITELIOIDE RESPECTO AL EPITELIOIDE

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode vs Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P101054	7.32	0,00081	KRT34	NM_021013	Homo sapiens keratin 34 [KRT34], mRNA [NM_021013]
A_32_P85999	6.35	0,00037	CDH13	NM_001257	Homo sapiens cadherin 13, H-cadherin (heart) [CDH13], mRNA [NM_001257]
A_23_P131614	6.09	0,00039	COL6A3	NM_004369	Homo sapiens collagen, type VI, alpha 3 (COL6A3), transcript variant 1, mRNA [NM_004369]
A_23_P39955	6.02	0,00038	ACTG2	NM_001615	Homo sapiens actin, gamma 2, smooth muscle, enteric (ACTG2), mRNA [NM_001615]
A_23_P126836	5.91	0,00005	TNFSF4	NM_003326	Homo sapiens tumor necrosis factor (ligand) superfamily, member 4 (tax- transcriptionally activated glycoprotein 1, 34kDa) [TNFSF4], mRNA [NM_003326]
A_23_P206212	5.88	0,00201	THBS1	NM_003246	Homo sapiens thrombospondin 1 (THBS1), mRNA [NM_003246]
A_23_P1331	5.86	0,00120	COL13A1	NM_005203	Homo sapiens collagen, type XIII, alpha 1 (COL13A1), transcript variant 1, mRNA [NM_005203]
A_23_P94800	5.85	0,00038	S100A4	NM_002961	Homo sapiens S100 calcium binding protein A4 (S100A4), transcript variant 1, mRNA [NM_002961]
A_23_P120316	5.66	0,00004	MTHFD2	NM_006636	Homo sapiens methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 2, methylenetetrahydrofolate cyclohydrolase (MTHFD2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_006636]
A_23_P110531	5.54	0,00357	FST	NM_013409	Homo sapiens follistatin (FST), transcript variant FST344, mRNA [NM_013409]
A_23_P259692	5.28	0,00008	PSAT1	NM_058179	Homo sapiens phosphoserine aminotransferase 1 (PSAT1), transcript variant 1, mRNA [NM_058179]
A_23_P157865	5.07	0,00919	TNC	NM_002160	Homo sapiens tenascin C (hexabrachion) (TNC), mRNA [NM_002160]
A_23_P111888	4.58	0,00541	CTHRC1	NM_138455	Homo sapiens collagen triple helix repeat containing 1 (CTHRC1), mRNA [NM_138455]
A_23_P75310	4.56	0,00005	ARHGAP22	NM_021226	Homo sapiens Rho GTPase activating protein 22 (ARHGAP22), mRNA [NM_021226]
A_23_P399078	4.44	0,00300	TIMP3	NM_000362	Homo sapiens TIMP metalloproteinase inhibitor 3 (Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory) (TIMP3), mRNA [NM_000362]
A_23_P7313	4.31	0,00483	SPP1	NM_000582	Homo sapiens secreted phosphoprotein 1 (osteopontin, bone sialoprotein I, early T- lymphocyte activation 1) (SPP1), transcript variant 2, mRNA [NM_000582]
A_23_P134454	4.30	0,00093	CAV1	NM_001753	Homo sapiens caveolin 1, caveolae protein, 22kDa (CAV1), mRNA [NM_001753]
A_23_P55256	4.23	0,00213	ZNF652	NM_014897	Homo sapiens zinc finger protein 652 (ZNF652), mRNA [NM_014897]
A_23_P43164	4.22	0,00078	SULF1	NM_015170	Homo sapiens sulfatase 1 (SULF1), mRNA [NM_015170]
A_23_P43810	4.21	0,00095	LTBP1	NM_206943	Homo sapiens latent transforming growth factor beta binding protein 1 (LTBP1), transcript variant 1, mRNA [NM_206943]
A_23_P165624	4.20	0,00102	TNFAIP6	NM_007115	Homo sapiens tumor necrosis factor, alpha-induced protein 6 (TNFAIP6), mRNA [NM_007115]
A_24_P264832	4.12	0,00339	NEFM	NM_005382	Homo sapiens neurofilament, medium polypeptide 150kDa (NEFM), mRNA [NM_005382]
A_23_P95930	4.03	0,00283	HMG2	NM_003483	Homo sapiens high mobility group AT-hook 2 (HMG2), transcript variant 1, mRNA [NM_003483]
A_23_P401606	3.80	0,00271	EDIL3	NM_005711	Homo sapiens EGF-like repeats and discoidin I-like domains 3 (EDIL3), mRNA [NM_005711]
A_32_P97169	3.73	0,00081	GPC6	ENST00000377047	Glypican-6 precursor. [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q9Y625] [ENST00000377047]
A_23_P374695	3.67	0,00059	TEK	NM_000459	Homo sapiens TEK tyrosine kinase, endothelial (venous malformations, multiple cutaneous and mucosal) (TEK), mRNA [NM_000459]
A_24_P12573	3.60	0,00004	CCL26	NM_006072	Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 26 (CCL26), mRNA [NM_006072]
A_23_P344531	3.56	0,00037	SYNPO	ENST00000307662	Synaptopodin. [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q8N3V7] [ENST00000307662]
A_23_P358597	3.52	0,00006	POPDC3	NM_022361	Homo sapiens popeye domain containing 3 (POPDC3), mRNA [NM_022361]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode vs Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P113777	3,50	0,00144	ITGBL1	NM_004791	Homo sapiens integrin, beta-like 1 (with EGF-like repeat domains) (ITGBL1), mRNA [NM_004791]
A_32_P34444	3,40	0,00646	FHOD3	NM_025135	Homo sapiens formin homology 2 domain containing 3 (FHOD3), mRNA [NM_025135]
A_23_P571	3,37	0,00725	SLC2A1	NM_006516	Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 1 (SLC2A1), mRNA [NM_006516]
A_23_P136978	3,37	0,00033	SRPX2	NM_014467	Homo sapiens sushi-repeat-containing protein, X-linked 2 (SRPX2), mRNA [NM_014467]
A_23_P414273	3,37	0,00185	MST150	NM_032947	Homo sapiens MSTP150 (MST150), mRNA [NM_032947]
A_23_P62021	3,35	0,00940	THBS2	L12350	Human thrombospondin 2 (THBS2) mRNA, complete cds. [L12350]
A_23_P165778	3,26	0,00005	MLPH	NM_024101	Homo sapiens melanophilin (MLPH), transcript variant 1, mRNA [NM_024101]
A_24_P148261	3,26	0,00234	TGFB2	ENST00000366930	Transforming growth factor beta-2 precursor (TGF-beta-2) (Glioblastoma-derived T-cell suppressor factor) (G-TSF) (BSC-1 cell growth inhibitor) (Polyvergin) (Cetermin), [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P61812] [ENST00000366930]
A_23_P108823	3,22	0,00012	OSBPL6	NM_032523	Homo sapiens oxysterol binding protein-like 6 (OSBPL6), transcript variant 1, mRNA [NM_032523]
A_23_P62741	3,22	0,00034	ELTD1	BC025721	Homo sapiens EGF, latrophilin and seven transmembrane domain containing 1, mRNA (cDNA clone MGC:34204 IMAGE:5229055), complete cds. [BC025721]
A_23_P360754	3,18	0,00071	ADAMTS4	NM_005099	Homo sapiens ADAM metalloproteinase with thrombospondin type 1 motif, 4 (ADAMTS4), mRNA [NM_005099]
A_23_P24870	3,16	0,00903	CD44	NM_000610	Homo sapiens CD44 molecule (Indian blood group) (CD44), transcript variant 1, mRNA [NM_000610]
A_23_P167367	3,14	0,00450	PITX2	NM_153426	Homo sapiens paired-like homeodomain transcription factor 2 (PITX2), transcript variant 2, mRNA [NM_153426]
A_23_P84063	3,11	0,00341	HNT	NM_016522	Homo sapiens neurotrimin (HNT), transcript variant 1, mRNA [NM_016522]
A_23_P67529	3,09	0,00009	KCNN4	NM_002250	Homo sapiens potassium intermediate/small conductance calcium-activated channel, subfamily N, member 4 (KCNN4), mRNA [NM_002250]
A_24_P227069	3,07	0,00960	GPAM	NM_020918	Homo sapiens glycerol-3-phosphate acyltransferase, mitochondrial (GPAM), mRNA [NM_020918]
A_23_P151075	3,06	0,00079	ARHGDIB	NM_001175	Homo sapiens Rho GDP dissociation inhibitor (GDI) beta (ARHGDIB), mRNA [NM_001175]
A_23_P35414	3,03	0,00234	PPP1R3C	NM_005398	Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 3C (PPP1R3C), mRNA [NM_005398]
A_23_P156327	3,00	0,00362	TGFB1	NM_000358	Homo sapiens transforming growth factor, beta-induced, 68kDa (TGFB1), mRNA [NM_000358]
A_24_P124550	2,98	0,00398	CCND1	NM_053056	Homo sapiens cyclin D1 (CCND1), mRNA [NM_053056]
A_23_P19176	2,95	0,00756	MGC23985	NM_206966	Homo sapiens similar to AVL1472 (MGC23985), mRNA [NM_206966]
A_23_P58796	2,92	0,00091	RGMB	NM_001012761	Homo sapiens RGM domain family, member B (RGMB), transcript variant 1, mRNA [NM_001012761]
A_23_P161190	2,91	0,00265	VIM	NM_003380	Homo sapiens vimentin (VIM), mRNA [NM_003380]
A_23_P74609	2,88	0,00839	G0S2	NM_015714	Homo sapiens G0/G1switch 2 (G0S2), mRNA [NM_015714]
A_23_P408363	2,85	0,00102	ENST00000376155	ENST00000376155	integin, beta-like 1 (with EGF-like repeat domains) [Source:RefSeq;peptide:Acc:NP_004782] [ENST00000376155]
A_23_P72487	2,85	0,00387	XG	NM_175569	Homo sapiens Xg blood group (XG), mRNA [NM_175569]
A_23_P16722	2,78	0,00169	DOCK10	NM_014689	Homo sapiens dedicator of cytokinesis 10 (DOCK10), mRNA [NM_014689]
A_23_P132956	2,77	0,00297	UCHL1	NM_004181	Homo sapiens ubiquitin carboxyl-terminal esterase L1 (ubiquitin thiolesterase) (UCHL1), mRNA [NM_004181]
A_32_P399546	2,74	0,00043	ARNTL2	AF256215	Homo sapiens cycle-like factor CLIF mRNA, complete cds. [AF256215]
A_23_P151337	2,71	0,00010	DLEU1	NR_002605	Homo sapiens deleted in lymphocytic leukemia, 1 (DLEU1) on chromosome 13 [NR_002605]
A_23_P62115	2,69	0,00078	TIMP1	NM_003254	Homo sapiens TIMP metalloproteinase inhibitor 1 (TIMP1), mRNA [NM_003254]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode vs Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P35916	2,68	0,00444	ATM	NM_000051	Homo sapiens ataxia telangiectasia mutated (includes complementation groups A, C and D) (ATM), transcript variant 1, mRNA [NM_000051]
A_23_P67339	2,67	0,00089	RCN3	NM_020650	Homo sapiens reticulocalbin 3, EF-hand calcium binding domain (RCN3), mRNA [NM_020650]
A_32_P210202	2,67	0,00787	E2F7	NM_203394	Homo sapiens E2F transcription factor 7 (E2F7), mRNA [NM_203394]
A_23_P111701	2,66	0,00139	GNG11	NM_004126	Homo sapiens guanine nucleotide binding protein (G protein), gamma 11 (GNG11), mRNA [NM_004126]
A_24_P892472	2,65	0,00590	EMX2OS	NR_002791	Homo sapiens empty spiracles homeobox 2 opposite strand (EMX2OS) on chromosome 10 [NR_002791]
A_24_P251599	2,65	0,00022	CAV3	NM_001234	Homo sapiens caveolin 3 (CAV3), transcript variant 2, mRNA [NM_001234]
A_23_P53588	2,64	0,00040	WNT5B	NM_030775	Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 5B (WNT5B), transcript variant 2, mRNA [NM_030775]
A_23_P76488	2,63	0,00505	EMP1	NM_001423	Homo sapiens epithelial membrane protein 1 (EMP1), mRNA [NM_001423]
A_23_P87150	2,63	0,00430	LPXN	NM_004811	Homo sapiens leupaxin (LPXN), mRNA [NM_004811]
A_24_P82032	2,61	0,00004	RHOJ	NM_020663	Homo sapiens ras homolog gene family, member J (RHOJ), mRNA [NM_020663]
A_23_P131846	2,58	0,00572	SNAI1	NM_005985	Homo sapiens snail homolog 1 (Drosophila) (SNAI1), mRNA [NM_005985]
A_23_P210001	2,51	0,00085	PAX8	NM_003466	Homo sapiens paired box gene 8 (PAX8), transcript variant PAX8A, mRNA [NM_003466]
A_23_P20443	2,50	0,00079	LZTS1	NM_021020	Homo sapiens leucine zipper, putative tumor suppressor 1 (LZTS1), mRNA [NM_021020]
A_23_P47614	2,50	0,00481	PHLDA2	NM_003311	Homo sapiens pleckstrin homology-like domain, family A, member 2 (PHLDA2), mRNA [NM_003311]
A_32_P153812	2,47	0,00160	TMEM132B	NM_052907	Homo sapiens transmembrane protein 132B (TMEM132B), mRNA [NM_052907]
A_23_P51410	2,47	0,00765	SMYD3	NM_022743	Homo sapiens SET and MYND domain containing 3 (SMYD3), mRNA [NM_022743]
A_24_P937405	2,45	0,00218	PRSS23	NM_007173	Homo sapiens protease, serine, 23 (PRSS23), mRNA [NM_007173]
A_23_P254934	2,43	0,00072	NRXN3	NM_004796	Homo sapiens neuroligin 3 (NRXN3), transcript variant alpha, mRNA [NM_004796]
A_24_P391987	2,43	0,00188	LOC401152	NM_001001701	Homo sapiens HCV F-transactivated protein 1 (LOC401152), mRNA [NM_001001701]
A_23_P19333	2,42	0,00259	TREM1	NM_018643	Homo sapiens triggering receptor expressed on myeloid cells 1 (TREM1), mRNA [NM_018643]
A_23_P109143	2,41	0,00435	PRNP	NM_000311	Homo sapiens prion protein (p27-30) (Creutzfeldt-Jakob disease, Gerstmann-Strausler-Scheinker syndrome, fatal familial insomnia) (PRNP), transcript variant 1, mRNA [NM_000311]
A_23_P147647	2,40	0,00104	SGCD	NM_000337	Homo sapiens sarcoglycan, delta (35kDa dystrophin-associated glycoprotein) (SGCD), transcript variant 1, mRNA [NM_000337]
A_24_P319942	2,40	0,00004	SSR3	NM_007107	Homo sapiens signal sequence receptor, gamma (translocon-associated protein gamma) (SSR3), mRNA [NM_007107]
A_23_P121987	2,39	0,00435	TSLP	NM_033035	Homo sapiens thymic stromal lymphopoietin (TSLP), transcript variant 1, mRNA [NM_033035]
A_23_P213319	2,38	0,00011	ADAMTS6	NM_197941	Homo sapiens ADAM metalloproteinase with thrombospondin type 1 motif, 6 (ADAMTS6), mRNA [NM_197941]
A_24_P200420	2,35	0,00038	SLC7A11	NM_014331	Homo sapiens solute carrier family 7, (cationic amino acid transporter, y+ system) member 11 (SLC7A11), mRNA [NM_014331]
A_23_P360797	2,33	0,00120	NTF3	NM_002527	Homo sapiens neurotrophin 3 (NTF3), mRNA [NM_002527]
A_24_P277211	2,33	0,00039	HRH1	NM_000861	Homo sapiens histamine receptor H1 (HRH1), mRNA [NM_000861]
A_23_P312415	2,27	0,00017	ADAMTSL1	NM_052866	Homo sapiens ADAMTS-like 1 (ADAMTSL1), transcript variant 2, mRNA [NM_052866]
A_23_P113701	2,25	0,00183	PDGFA	NM_002607	Homo sapiens platelet-derived growth factor alpha polypeptide (PDGFA), transcript variant 1, mRNA [NM_002607]
A_23_P356616	2,23	0,00301	ABTB2	NM_145804	Homo sapiens ankyrin repeat and BTB (POZ) domain containing 2 (ABTB2), mRNA [NM_145804]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode vs Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P110345	2,22	0,00017	CHIC2	NM_012110	Homo sapiens cysteine-rich hydrophobic domain 2 (CHIC2), mRNA [NM_012110]
A_24_P416177	2,22	0,00048	ADCY7	NM_001114	Homo sapiens adenylate cyclase 7 (ADCY7), mRNA [NM_001114]
A_23_P64611	2,22	0,00582	P2RY6	NM_176798	Homo sapiens pyrimidinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 6 (P2RY6), transcript variant 2, mRNA [NM_176798]
A_23_P31765	2,20	0,00995	PKIA	NM_006823	Homo sapiens protein kinase (cAMP-dependent, catalytic) inhibitor alpha (PKIA), transcript variant 6, mRNA [NM_006823]
A_23_P31073	2,20	0,00175	MYB	NM_005375	Homo sapiens v-myb myeloblastosis viral oncogene homolog (avian) (MYB), mRNA [NM_005375]
A_23_P65678	2,19	0,00263	FBN1	NM_000138	Homo sapiens fibrillin 1 (FBN1), mRNA [NM_000138]
A_24_P123658	2,16	0,00568	ENST000000372871	ENST000000372871	Ribosomal protein L7-like 1, [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q6DK11] [ENST000000372871]
A_23_P71241	2,15	0,00166	SEC61G	NM_014302	Homo sapiens Sec61 gamma subunit (SEC61G), transcript variant 1, mRNA [NM_014302]
A_23_P83328	2,15	0,00047	ENG	NM_000118	Homo sapiens endoglin (Osler-Rendu-Weber syndrome 1) (ENG), mRNA [NM_000118]
A_23_P138541	2,15	0,00243	AKR1C3	NM_003739	Homo sapiens aldo-keto reductase family 1, member C3 (3-alpha hydroxysteroid dehydrogenase, type II) (AKR1C3), mRNA [NM_003739]
A_23_P130194	2,14	0,00063	PYCR1	NM_006907	Homo sapiens pyrroline-5-carboxylate reductase 1 (PYCR1), transcript variant 1, mRNA [NM_006907]
A_23_P354805	2,14	0,00079	KLF12	NM_007249	Homo sapiens Kruppel-like factor 12 (KLF12), mRNA [NM_007249]
A_24_P135322	2,13	0,00277	NRP1	NM_003873	Homo sapiens neuropilin 1 (NRP1), transcript variant 1, mRNA [NM_003873]
A_23_P211233	2,13	0,00584	COL6A2	NM_001849	Homo sapiens collagen, type VI, alpha 2 (COL6A2), transcript variant 2C2, mRNA [NM_001849]
A_32_P95397	2,12	0,00278	ITGB1	NM_002211	Homo sapiens integrin, beta 1 (fibronectin receptor, beta polypeptide, antigen CD29 includes MDF2, MSK12) (ITGB1), transcript variant 1A, mRNA [NM_002211]
A_23_P46928	2,12	0,00244	PFKP	NM_002627	Homo sapiens phosphofructokinase, platelet (PFKP), mRNA [NM_002627]
A_23_P145694	2,11	0,00140	ASNS	NM_001673	Homo sapiens asparagine synthetase (ASNS), transcript variant 2, mRNA [NM_001673]
A_24_P176805	2,11	0,00741	ZNF264	NM_003417	Homo sapiens zinc finger protein 264 (ZNF264), mRNA [NM_003417]
A_24_P136453	2,11	0,00017	TNS1	NM_022648	Homo sapiens tensin 1 (TNS1), mRNA [NM_022648]
A_24_P919304	2,10	0,00166	FNDCC3B	BC012204	Homo sapiens fibronectin type III domain containing 3B, mRNA (cDNA clone IMAGE:3882800), complete cds. [BC012204]
A_23_P422083	2,10	0,00026	TMEM55A	NM_018710	Homo sapiens transmembrane protein 55A (TMEM55A), mRNA [NM_018710]
A_23_P150609	2,10	0,00137	IGF2	NM_001007139	Homo sapiens insulin-like growth factor 2 (somatomedin A) (IGF2), transcript variant 2, mRNA [NM_001007139]
A_24_P60887	2,10	0,00005	ANGPT1	NM_001146	Homo sapiens angiotensinogen 1 (ANGPT1), mRNA [NM_001146]
A_23_P169909	2,09	0,00038	DGKI	NM_004717	Homo sapiens diacylglycerol kinase, iota (DGKI), mRNA [NM_004717]
A_23_P141389	2,08	0,00038	RPL27	NM_000988	Homo sapiens ribosomal protein L27 (RPL27), mRNA [NM_000988]
A_23_P70660	2,08	0,00465	FAM46A	NM_017633	Homo sapiens family with sequence similarity 46, member A (FAM46A), mRNA [NM_017633]
A_23_P214059	2,06	0,00123	NR3C1	NM_000176	Homo sapiens nuclear receptor subfamily 3, group C, member 1 (glucocorticoid receptor) (NR3C1), transcript variant 5, mRNA [NM_000176]
A_23_P303671	2,06	0,00160	ECM2	NM_001393	Homo sapiens extracellular matrix protein 2, female organ and adipocyte specific (ECM2), mRNA [NM_001393]
A_23_P137984	2,05	0,00139	S100A10	NM_002966	Homo sapiens S100 calcium binding protein A10 (S100A10), mRNA [NM_002966]
A_23_P122815	2,05	0,00188	CALU	NM_001219	Homo sapiens calumenin (CALU), mRNA [NM_001219]
A_23_P256487	2,05	0,00168	CD274	ENST000000381577	Programmed cell death 1 ligand 1 precursor (Programmed death ligand 1) (PD-L1) (PDCD1 ligand 1) (B7 homolog 1) (B7-H1) (CD274 antigen). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q9NZQ7] [ENST000000381577]
A_23_P95736	2,05	0,00511	ZNF429	NM_001001415	Homo sapiens zinc finger protein 429 (ZNF429), mRNA [NM_001001415]
A_23_P54243	2,04	0,00570	GPR68	NM_003485	Homo sapiens G protein-coupled receptor 68 (GPR68), mRNA [NM_003485]

Nombre de la Sonda	Ratio No Eptelioide vs Eptelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P386478	2,03	0,00217	TNIP3	NM_024873	Homo sapiens TNFAIP3 interacting protein 3 (TNIP3), mRNA [NM_024873]
A_23_P209636	2,02	0,00041	CDC42EP3	NM_006449	Homo sapiens CDC42 effector protein (Rho GTPase binding) 3 (CDC42EP3), mRNA [NM_006449]
A_23_P79482	2,02	0,00056	CHN1	NM_001822	Homo sapiens chimerin (chimaerin) 1 (CHN1), transcript variant 1, mRNA [NM_001822]
A_24_P337796	2,02	0,00276	STK17A	NM_004760	Homo sapiens serine/threonine kinase 17a (STK17A), mRNA [NM_004760]
A_23_P28169	2,01	0,00177	ARL6IP6	NM_152522	Homo sapiens ADP-ribosylation-like factor 6 interacting protein 6 (ARL6IP6), mRNA [NM_152522]
A_23_P154526	2,00	0,00995	GRB14	NM_004490	Homo sapiens growth factor receptor-bound protein 14 (GRB14), mRNA [NM_004490]

GENES INDUCIDOS *IN VITRO*

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P50919	17,84	7,75	SERPINE2	NM_006216	Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade E (nexin, plasminogen activator inhibitor type 1), member 2 (SERPINE2), mRNA [NM_006216]
A_23_P122174	14,09	9,06	XRCC4	NM_022550	Homo sapiens X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 4 (XRCC4), transcript variant 3, mRNA [NM_022550]
A_23_P206212	12,85	7,40	THBS1	NM_003246	Homo sapiens thrombospondin 1 (THBS1), mRNA [NM_003246]
A_23_P144959	11,93	8,39	VCAN	NM_004385	Homo sapiens versican (VCAN), mRNA [NM_004385]
A_23_P159325	11,34	10,45	ANGPTL4	NM_139314	Homo sapiens angiopoietin-like 4 (ANGPTL4), transcript variant 1, mRNA [NM_139314]
A_24_P119745	9,81	10,63	FN1	NM_212482	Homo sapiens fibronectin 1 (FN1), transcript variant 1, mRNA [NM_212482]
A_32_P97169	9,78	12,43	GPC6	ENST00000377047	Glypican-6 precursor. [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q9Y625] [ENST00000377047]
A_23_P157865	9,47	11,49	TNC	NM_002160	Homo sapiens tenascin C (hexabrachion) (TNC), mRNA [NM_002160]
A_23_P206022	8,44	6,95	ITGA11	NM_001004439	Homo sapiens integrin, alpha 11 (ITGA11), transcript variant 1, mRNA [NM_001004439]
A_23_P31945	7,76	19,58	IL33	NM_033439	Homo sapiens interleukin 33 (IL33), mRNA [NM_033439]
A_23_P122924	7,28	7,96	INHBA	NM_002192	Homo sapiens inhibin, beta A (activin A, activin AB alpha polypeptide) (INHBA), mRNA [NM_002192]
A_23_P207520	7,01	5,21	COL1A1	Z74615	H.sapiens mRNA for prepro-alpha1(I) collagen. [Z74615]
A_23_P255444	6,37	4,30	DAPP1	NM_014395	Homo sapiens dual adaptor of phosphotyrosine and 3-phosphoinositides (DAPP1), mRNA [NM_014395]
A_23_P218144	6,19	2,30	LTBP2	NM_000428	Homo sapiens latent transforming growth factor beta binding protein 2 (LTBP2), mRNA [NM_000428]
A_23_P81805	6,12	4,15	VEGFA	NM_001025366	Homo sapiens vascular endothelial growth factor A (VEGFA), transcript variant 1, mRNA [NM_001025366]
A_23_P202327	6,07	4,94	ADAM12	NM_003474	Homo sapiens ADAM metalloproteinase domain 12 (meltrin alpha) (ADAM12), transcript variant 1, mRNA [NM_003474]
A_23_P156327	5,66	5,73	TGFBI	NM_000358	Homo sapiens transforming growth factor, beta-induced, 68kDa (TGFBI), mRNA [NM_000358]
A_23_P14083	5,65	9,94	AMIGO2	NM_181847	Homo sapiens adhesion molecule with Ig-like domain 2 (AMIGO2), mRNA [NM_181847]
A_32_P34444	5,50	5,73	FHOD3	NM_025135	Homo sapiens formin homology 2 domain containing 3 (FHOD3), mRNA [NM_025135]
A_23_P24104	5,50	2,65	PLAU	NM_002658	Homo sapiens plasminogen activator, urokinase (PLAU), mRNA [NM_002658]
A_23_P200737	5,36	6,30	RGS4	NM_005613	Homo sapiens regulator of G-protein signalling 4 (RGS4), mRNA [NM_005613]
A_24_P605612	4,97	4,01	THBS2	NM_003247	Homo sapiens thrombospondin 2 (THBS2), mRNA [NM_003247]
A_24_P158089	4,82	2,34	SERPINE1	NM_000602	Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade E (nexin, plasminogen activator inhibitor type 1), member 1 (SERPINE1), mRNA [NM_000602]
A_23_P162589	4,79	5,58	VDR	NM_001017535	Homo sapiens vitamin D (1,25-dihydroxyvitamin D3) receptor (VDR), transcript variant 2, mRNA [NM_001017535]
A_23_P214080	4,66	8,29	EGR1	NM_001964	Homo sapiens early growth response 1 (EGR1), mRNA [NM_001964]
A_23_P56746	4,62	5,36	FAP	NM_004460	Homo sapiens fibroblast activation protein, alpha (FAP), mRNA [NM_004460]
A_24_P334130	4,58	4,62	FN1	NM_054034	Homo sapiens fibronectin 1 (FN1), transcript variant 7, mRNA [NM_054034]
A_23_P571	4,57	5,73	SLC2A1	NM_006516	Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 1 (SLC2A1), mRNA [NM_006516]
A_24_P34155	4,56	12,07	ENST00000358356	ENST00000358356	Runt-related transcription factor 1 (Core-binding factor, alpha 2 subunit) (CBF-alpha 2) (Acute myeloid leukemia 1 protein) (Oncogene AML-1) (Polyomavirus enhancer-binding protein 2 alpha B subunit) (PEBP2-alpha B) (PEA2-alpha B) (SL3-3 enhancer...) [NM_004165]
A_23_P88849	4,27	4,88	RRAD	NM_004165	Homo sapiens Ras-related associated with diabetes (RRAD), mRNA [NM_004165]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P401606	4,18	3,19	EDIL3	NM_005711	Homo sapiens EGF-like repeats and discoidin I-like domains 3 (EDIL3), mRNA [NM_005711]
A_23_P104318	4,14	3,98	DDIT4	NM_019058	Homo sapiens DNA-damage-inducible transcript 4 (DDIT4), mRNA [NM_019058]
A_23_P122815	4,01	2,04	CALU	NM_001219	Homo sapiens calumenin (CALU), mRNA [NM_001219]
A_23_P215634	4,00	3,10	IGFBP3	NM_001013398	Homo sapiens insulin-like growth factor binding protein 3 (IGFBP3), transcript variant 1, mRNA [NM_001013398]
A_23_P71037	3,98	6,04	IL6	NM_000600	Homo sapiens interleukin 6 (interferon, beta 2) (IL6), mRNA [NM_000600]
A_23_P18966	3,94	3,20	P4HA2	NM_001017973	Homo sapiens procollagen-proline, 2-oxoglutarate 4-dioxygenase (proline 4-hydroxylase), alpha polypeptide II (P4HA2), transcript variant 2, mRNA [NM_001017973]
A_23_P65518	3,88	4,25	DACT1	NM_016651	Homo sapiens dapper, antagonist of beta-catenin, homolog 1 (Xenopus laevis) (DACT1), transcript variant 1, mRNA [NM_016651]
A_23_P414273	3,79	4,08	MST150	NM_032947	Homo sapiens MSTP150 (MST150), mRNA [NM_032947]
A_23_P127957	3,78	2,67	P4HA3	NM_182904	Homo sapiens procollagen-proline, 2-oxoglutarate 4-dioxygenase (proline 4-hydroxylase), alpha polypeptide III (P4HA3), mRNA [NM_182904]
A_23_P89431	3,62	5,42	CCL2	NM_002982	Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 2 (CCL2), mRNA [NM_002982]
A_23_P79518	3,61	5,30	IL1B	NM_000576	Homo sapiens interleukin 1, beta (IL1B), mRNA [NM_000576]
A_23_P160159	3,57	3,46	SLC2A5	NM_003039	Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose/fructose transporter), member 5 (SLC2A5), mRNA [NM_003039]
A_23_P432947	3,54	4,14	GREM1	NM_013372	Homo sapiens gremlin 1, cysteine knot superfamily, homolog (Xenopus laevis) (GREM1), mRNA [NM_013372]
A_23_P62021	3,52	3,31	THBS2	L12350	Human thrombospondin 2 (THBS2) mRNA, complete cds. [L12350]
A_23_P2793	3,34	4,90	ALOX5AP	NM_001629	Homo sapiens arachidonate 5-lipoxygenase-activating protein (ALOX5AP), mRNA [NM_001629]
A_23_P374082	3,29	2,74	ADAM19	NM_033274	Homo sapiens ADAM metalloproteinase domain 19 (meltrin beta) (ADAM19), transcript variant 2, mRNA [NM_033274]
A_32_P178800	3,28	2,69	ITGA2	NM_002203	Homo sapiens integrin, alpha 2 (CD49B, alpha 2 subunit of VLA-2 receptor) (ITGA2), mRNA [NM_002203]
A_24_P236091	3,28	2,51	ENO2	NM_001975	Homo sapiens enolase 2 (gamma, neuronal) (ENO2), mRNA [NM_001975]
A_23_P122216	3,27	4,46	LOX	NM_002317	Homo sapiens lysyl oxidase (LOX), mRNA [NM_002317]
A_23_P56197	3,25	2,65	CRLF1	NM_004750	Homo sapiens cytokine receptor-like factor 1 (CRLF1), mRNA [NM_004750]
A_23_P84063	3,25	2,17	HNT	NM_016522	Homo sapiens neurotrimin (HNT), transcript variant 1, mRNA [NM_016522]
A_23_P131614	3,20	2,25	COL6A3	NM_004369	Homo sapiens collagen, type VI, alpha 3 (COL6A3), transcript variant 1, mRNA [NM_004369]
A_24_P117410	3,20	2,75	KLHDC7B	NM_138433	Homo sapiens kelch domain containing 7B (KLHDC7B), mRNA [NM_138433]
A_23_P326160	3,19	5,15	ZC3H12A	NM_025079	Homo sapiens zinc finger CCH-type containing 12A (ZC3H12A), mRNA [NM_025079]
A_23_P371682	3,17	2,02	GPC6	NM_005708	Homo sapiens glypican 6 (GPC6), mRNA [NM_005708]
A_23_P259692	3,15	4,92	PSAT1	NM_058179	Homo sapiens phosphoserine aminotransferase 1 (PSAT1), transcript variant 1, mRNA [NM_058179]
A_24_P347411	3,15	3,18	POSTN	NM_006475	Homo sapiens periostin, osteoblast specific factor (POSTN), mRNA [NM_006475]
A_23_P114597	3,14	3,78	SPRR2G	NM_001014291	Homo sapiens small proline-rich protein 2G (SPRR2G), mRNA [NM_001014291]
A_23_P43164	3,11	2,88	SULF1	NM_015170	Homo sapiens sulfatase 1 (SULF1), mRNA [NM_015170]
A_23_P160318	3,09	5,45	COL16A1	NM_001856	Homo sapiens collagen, type XVI, alpha 1 (COL16A1), mRNA [NM_001856]
A_23_P111995	3,07	3,69	LOXL2	NM_002318	Homo sapiens lysyl oxidase-like 2 (LOXL2), mRNA [NM_002318]
A_23_P218646	3,07	2,19	TNFRSF6B	NM_032945	Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 6b, decoy (TNFRSF6B), transcript variant M68C, mRNA [NM_032945]
A_23_P344531	3,06	2,95	SYNPO	ENST000000307662	Synaptopodin. [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q8N3V7] [ENST000000307662]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P88696	3,05	2,94	SCG2	NM_003469	Homo sapiens secretogranin II (chromogranin C) (SCG2), mRNA [NM_003469]
A_23_P206501	3,05	2,52	LOC497190	NM_001011880	Homo sapiens secretory protein LOC497190 (LOC497190), mRNA [NM_001011880]
A_23_P21485	3,04	3,47	PID1	NM_017933	Homo sapiens phosphotyrosine interaction domain containing 1 (PID1), mRNA [NM_017933]
A_23_P120316	3,00	4,45	MTHFD2	NM_006636	Homo sapiens methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 2, methylenetetrahydrofolate cyclohydrolase (MTHFD2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 1, mRNA [NM_006636]
A_24_P23625	2,96	2,57	HS3ST3B1	ENST00000360954	Heparan sulfate glucosamine 3-O-sulfotransferase 3B1 (EC 2.8.2.30) (Heparan sulfate D-glucosaminyl 3-O-sulfotransferase 3B1) (Heparan sulfate 3-O-sulfotransferase 3B1) (h3-OST-3B). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q9Y662] [ENST00000360954]
A_23_P165624	2,96	7,35	TNFAIP6	NM_007115	Homo sapiens tumor necrosis factor, alpha-induced protein 6 (TNFAIP6), mRNA [NM_007115]
A_23_P393620	2,94	2,58	TFPI2	NM_006528	Homo sapiens tissue factor pathway inhibitor 2 (TFPI2), mRNA [NM_006528]
A_23_P207507	2,91	5,73	ABCC3	NM_003786	Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 3 (ABCC3), mRNA [NM_003786]
A_23_P19333	2,90	2,40	TREM1	NM_018643	Homo sapiens triggering receptor expressed on myeloid cells 1 (TREM1), mRNA [NM_018643]
A_23_P64611	2,86	2,63	P2RY6	NM_176798	Homo sapiens pyrimidinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 6 (P2RY6), transcript variant 2, mRNA [NM_176798]
A_24_P288890	2,86	2,30	FAM101A	NM_181709	Homo sapiens family with sequence similarity 101, member A (FAM101A), mRNA [NM_181709]
A_23_P258136	2,84	3,28	MXRA5	NM_015419	Homo sapiens matrix-remodelling associated 5 (MXRA5), mRNA [NM_015419]
A_24_P360674	2,83	2,20	CDKN2B	NM_078487	Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 2B (p15, inhibits CDK4) (CDKN2B), transcript variant 2, mRNA [NM_078487]
A_24_P406693	2,83	2,58	P4HA1	NM_000917	Homo sapiens procollagen-proline, 2-oxoglutarate 4-dioxygenase (proline 4-hydroxylase), alpha polypeptide I (P4HA1), transcript variant 1, mRNA [NM_000917]
A_23_P213562	2,83	2,32	F2R	NM_001992	Homo sapiens coagulation factor II (thrombin) receptor (F2R), mRNA [NM_001992]
A_23_P30363	2,80	4,10	P4HA2	NM_004199	Homo sapiens procollagen-proline, 2-oxoglutarate 4-dioxygenase (proline 4-hydroxylase), alpha polypeptide II (P4HA2), transcript variant 1, mRNA [NM_004199]
A_23_P212089	2,78	3,01	NFKBIZ	NM_031419	Homo sapiens nuclear factor of kappa light polypeptide gene enhancer in B-cells inhibitor, zeta (NFKBIZ), transcript variant 1, mRNA [NM_031419]
A_23_P400847	2,74	2,34	IDS	NM_000202	Homo sapiens iduronate 2-sulfatase (Hunter syndrome) (IDS), transcript variant 1, mRNA [NM_000202]
A_23_P139704	2,73	3,00	DUSP6	NM_001946	Homo sapiens dual specificity phosphatase 6 (DUSP6), transcript variant 1, mRNA [NM_001946]
A_24_P362904	2,71	2,04	PFKFB4	NM_004567	Homo sapiens 6-phosphofructo-2-kinase/fructose-2,6-bisphosphatase 4 (PFKFB4), mRNA [NM_004567]
A_23_P16523	2,65	3,96	GDF15	NM_004864	Homo sapiens growth differentiation factor 15 (GDF15), mRNA [NM_004864]
A_24_P250922	2,65	2,49	PTGS2	NM_000963	Homo sapiens prostaglandin-endoperoxide synthase 2 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase) (PTGS2), mRNA [NM_000963]
A_23_P351215	2,63	3,11	SKIL	NM_005414	Homo sapiens SKI-like oncogene (SKIL), mRNA [NM_005414]
A_23_P168229	2,62	2,12	TXNDC5	NM_022085	Homo sapiens thioredoxin domain containing 5 (TXNDC5), transcript variant 2, mRNA [NM_022085]
A_23_P169039	2,62	3,75	SNAI2	NM_003068	Homo sapiens snail homolog 2 (Drosophila) (SNAI2), mRNA [NM_003068]
A_24_P810290	2,58	2,29	PPAPDC1A	NM_001030059	Homo sapiens phosphatidic acid phosphatase type 2 domain containing 1A (PPAPDC1A), mRNA [NM_001030059]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P346006	2,58	2,06	CCPG1	NM_020739	Homo sapiens cell cycle progression 1 (CCPG1), transcript variant 2, mRNA [NM_020739]
A_23_P19176	2,57	2,52	MGC23985	NM_206966	Homo sapiens similar to AVL472 (MGC23985), mRNA [NM_206966]
A_24_P39378	2,53	2,11	CCPG1	NM_004748	Homo sapiens cell cycle progression 1 (CCPG1), transcript variant 1, mRNA [NM_004748]
A_23_P111888	2,53	2,61	CTHRC1	NM_138455	Homo sapiens collagen triple helix repeat containing 1 (CTHRC1), mRNA [NM_138455]
A_23_P158725	2,53	2,79	SLC16A3	NM_004207	Homo sapiens solute carrier family 16, member 3 (monocarboxylic acid transporter 4) (SLC16A3), transcript variant 2, mRNA [NM_004207]
A_23_P42257	2,51	2,33	IER3	NM_003897	Homo sapiens immediate early response 3 (IER3), mRNA [NM_003897]
A_23_P348257	2,50	2,98	NUAK1	NM_014840	Homo sapiens NUAK family, SNF1-like kinase, 1 (NUAK1), mRNA [NM_014840]
A_23_P28697	2,48	2,31	HAAO	NM_012205	Homo sapiens 3-hydroxyanthranilate 3,4-dioxygenase (HAAO), mRNA [NM_012205]
A_24_P148261	2,47	3,98	TGFB2	ENST00000366930	Transforming growth factor beta-2 precursor (TGF-beta-2) (Glioblastoma-derived T-cell suppressor factor) (G-TSF) (BSC-1 cell growth inhibitor) (Polyergin) (Cetermin), [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P61812] [ENST00000366930]
A_24_P268676	2,45	2,08	BHLHB2	NM_003670	Homo sapiens basic helix-loop-helix domain containing, class B, 2 (BHLHB2), mRNA [NM_003670]
A_23_P57089	2,43	2,01	TMEPAI	NM_020182	Homo sapiens transmembrane, prostate androgen induced RNA (TMEPAI), transcript variant 1, mRNA [NM_020182]
A_23_P111260	2,42	2,32	NT5E	NM_002526	Homo sapiens 5'-nucleotidase, ecto (CD73) (NT5E), mRNA [NM_002526]
A_23_P301521	2,37	3,27	KIAA1462	ENST00000375377	Novel protein, [Source:Uniprot/SPTRMBL;Acc:Q5T992] [ENST00000375377]
A_23_P431388	2,35	3,66	SPOCD1	NM_144569	Homo sapiens SPOC domain containing 1 (SPOCD1), mRNA [NM_144569]
A_23_P39955	2,33	6,88	ACTG2	NM_001615	Homo sapiens actin, gamma 2, smooth muscle, enteric (ACTG2), mRNA [NM_001615]
A_23_P43415	2,33	2,26	HSD17B3	NM_000197	Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 3 (HSD17B3), mRNA [NM_000197]
A_23_P164047	2,33	2,28	MMD	NM_012329	Homo sapiens monocyte to macrophage differentiation-associated (MMD), mRNA [NM_012329]
A_23_P63541	2,32	2,01	KIF26B	NM_018012	Homo sapiens kinesin family member 26B (KIF26B), mRNA [NM_018012]
A_23_P502520	2,32	2,83	IL411	NM_172374	Homo sapiens interleukin 4 induced 1 (IL411), transcript variant 2, mRNA [NM_172374]
A_23_P25030	2,30	5,74	HSD17B6	NM_003725	Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 6 homolog (mouse) (HSD17B6), mRNA [NM_003725]
A_23_P305060	2,30	5,17	PBEF1	NM_005746	Homo sapiens pre-B-cell colony enhancing factor 1 (PBEF1), mRNA [NM_005746]
A_23_P1331	2,24	2,35	COL13A1	NM_005203	Homo sapiens collagen, type XIII, alpha 1 (COL13A1), transcript variant 1, mRNA [NM_005203]
A_23_P145965	2,23	2,38	TPST1	NM_003596	Homo sapiens tyrosylprotein sulfotransferase 1 (TPST1), mRNA [NM_003596]
A_23_P160466	2,23	2,83	SLC19A2	NM_006996	Homo sapiens solute carrier family 19 (thiamine transporter), member 2 (SLC19A2), mRNA [NM_006996]
A_23_P211007	2,22	3,11	NRIP1	NM_003489	Homo sapiens nuclear receptor interacting protein 1 (NRIP1), mRNA [NM_003489]
A_23_P408285	2,21	2,03	PRICKLE1	NM_153026	Homo sapiens prickle homolog 1 (Drosophila) (PRICKLE1), mRNA [NM_153026]
A_23_P72096	2,20	2,02	IL1A	NM_000575	Homo sapiens interleukin 1, alpha (IL1A), mRNA [NM_000575]
A_24_P96403	2,20	2,33	RUNX1	NM_001001890	Homo sapiens runt-related transcription factor 1 (acute myeloid leukemia 1; aml1 oncogene) (RUNX1), transcript variant 2, mRNA [NM_001001890]
A_24_P56388	2,20	2,57	HIF1A	NM_181054	Homo sapiens hypoxia-inducible factor 1, alpha subunit (basic helix-loop-helix transcription factor) (HIF-1A), transcript variant 2, mRNA [NM_181054]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P70660	2,20	2,40	FAM46A	NM_017633	Homo sapiens family with sequence similarity 46, member A (FAM46A), mRNA [NM_017633]
A_23_P139500	2,20	2,48	BHLHB3	NM_030762	Homo sapiens basic helix-loop-helix domain containing, class B, 3 (BHLHB3), mRNA [NM_030762]
A_23_P46928	2,18	2,37	PFKP	NM_002627	Homo sapiens phosphofructokinase, platelet (PFKP), mRNA [NM_002627]
A_23_P145694	2,17	3,22	ASNS	NM_001673	Homo sapiens asparagine synthetase (ASNS), transcript variant 2, mRNA [NM_001673]
A_23_P96383	2,16	2,54	SRPX	NM_006307	Homo sapiens sushi-repeat-containing protein, X-linked (SRPX), mRNA [NM_006307]
A_23_P155979	2,16	3,18	EGF	NM_001963	Homo sapiens epidermal growth factor (beta-urogastrone) (EGF), mRNA [NM_001963]
A_23_P53546	2,15	2,29	ENST00000229270	ENST00000229270	Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1) (TIM) (Triose-phosphate isomerase). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P60174] [ENST00000229270]
A_23_P14957	2,15	2,35	CDR2	NM_001802	Homo sapiens cerebellar degeneration-related protein 2, 62kDa (CDR2), mRNA [NM_001802]
A_24_P929003	2,15	2,42	ITGB3	S70348	Homo sapiens integrin beta 3 mRNA, partial cds, alternatively spliced. [S70348]
A_32_P162726	2,13	2,47	AF126109	AF126109	Homo sapiens clone TA40 untranslated mRNA, complete sequence. [AF126109]
A_23_P210581	2,12	2,16	KCNG1	NM_002237	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, subfamily G, member 1 (KCNG1), transcript variant 1, mRNA [NM_002237]
A_23_P18806	2,12	2,19	YIPF5	NM_030799	Homo sapiens Yip1 domain family, member 5 (YIPF5), transcript variant 2, mRNA [NM_030799]
A_23_P138635	2,11	3,03	BNIP3	NM_004052	Homo sapiens BCL2/adenovirus E1B 19kDa interacting protein 3 (BNIP3), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_004052]
A_23_P121082	2,11	3,72	GBE1	NM_000158	Homo sapiens glucan (1,4-alpha-), branching enzyme 1 (glycogen branching enzyme, Andersen disease, glycogen storage disease type IV) (GBE1), mRNA [NM_000158]
A_24_P408772	2,10	4,95	PBEF1	NM_182790	Homo sapiens pre-B-cell colony enhancing factor 1 (PBEF1), transcript variant 2, mRNA [NM_182790]
A_23_P350512	2,09	2,12	ADAM12	NM_021641	Homo sapiens ADAM metalloproteinase domain 12 (meltrin alpha) (ADAM12), transcript variant 2, mRNA [NM_021641]
A_23_P113701	2,08	2,22	PDGFA	NM_002607	Homo sapiens platelet-derived growth factor alpha polypeptide (PDGFA), transcript variant 1, mRNA [NM_002607]
A_23_P143331	2,07	2,08	BMP2	NM_001200	Homo sapiens bone morphogenetic protein 2 (BMP2), mRNA [NM_001200]
A_23_P125233	2,06	2,23	CNN1	NM_001299	Homo sapiens calponin 1, basic, smooth muscle (CNN1), mRNA [NM_001299]
A_23_P33093	2,06	2,33	ST6GALNAC5	NM_030965	Homo sapiens ST6 (alpha-N-acetyl-neuraminyl-2,3-beta-galactosyl-1,3)-N-acetylglucosaminide alpha-2,6-sialyltransferase 5 (ST6GALNAC5), mRNA [NM_030965]
A_23_P420692	2,04	2,08	PPFIA4	NM_015053	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, receptor type, f polypeptide (PTPRF), interacting protein (lipin), alpha 4 (PPFIA4), mRNA [NM_015053]
A_23_P70794	2,02	2,17	RAB23	NM_016277	Homo sapiens RAB23, member RAS oncogene family (RAB23), transcript variant 1, mRNA [NM_016277]
A_23_P51410	2,00	2,05	SMYD3	NM_022743	Homo sapiens SET and MYND domain containing 3 (SMYD3), mRNA [NM_022743]

GENES INDUCIDOS *IN VITRO* Y EN EL FENOTIPO EPITELIOIDE

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P122174	14,09	9,06	2,68	0,00498	XRCC4	NM_022550	Homo sapiens X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 4 (XRCC4), transcript variant 3, mRNA [NM_022550]
A_23_P206022	8,44	6,95	3,35	0,00368	ITGA11	NM_001004439	Homo sapiens integrin, alpha 11 (ITGA11), transcript variant 1, mRNA [NM_001004439]
A_23_P202327	6,07	4,94	4,03	0,00004	ADAM12	NM_003474	Homo sapiens ADAM metalloproteinase domain 12 (meltrin alpha) (ADAM12), transcript variant 1, mRNA [NM_003474]
A_23_P162589	4,79	5,58	2,51	0,00020	VDR	NM_001017535	Homo sapiens vitamin D (1,25-dihydroxyvitamin D3) receptor (VDR), transcript variant 2, mRNA [NM_001017535]
A_23_P56746	4,62	5,36	5,60	0,00000	FAP	NM_004460	Homo sapiens fibroblast activation protein, alpha (FAP), mRNA [NM_004460]
A_24_P34155	4,56	12,07	2,33	0,00034	ENST00000358356	ENST00000358356	Runt-related transcription factor 1 (Core-binding factor, alpha 2 subunit) (CBF-alpha 2) (Acute myeloid leukemia 1 protein) (Oncogene AML-1) (Polyomavirus enhancer-binding protein 2 alpha B subunit) (PEBP2-alpha B) (PEA2-alpha B) (SL3-3 enhancer...)
A_23_P432947	3,54	4,14	14,36	0,00007	GREM1	NM_013372	Homo sapiens gremlin 1, cysteine knot superfamily, homolog (Xenopus laevis) (GREM1), mRNA [NM_013372]
A_24_P117410	3,20	2,75	2,51	0,00025	KLHDC7B	NM_138433	Homo sapiens kelch domain containing 7B (KLHDC7B), mRNA [NM_138433]
A_23_P326160	3,19	5,15	2,14	0,00225	ZC3H12A	NM_025079	Homo sapiens zinc finger CCH-type containing 12A (ZC3H12A), mRNA [NM_025079]
A_24_P347411	3,15	3,18	4,39	0,00177	POSTN	NM_006475	Homo sapiens periostin, osteoblast specific factor (POSTN), mRNA [NM_006475]
A_23_P218646	3,07	2,19	2,01	0,00163	TNFRSF6B	NM_032945	Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 6b, decoy (TNFRSF6B), transcript variant M68C, mRNA [NM_032945]
A_24_P88696	3,05	2,94	4,04	0,00014	SCG2	NM_003469	Homo sapiens secretogranin II (chromogranin C) (SCG2), mRNA [NM_003469]
A_23_P21485	3,04	3,47	2,26	0,00683	PID1	NM_017933	Homo sapiens phosphotyrosine interaction domain containing 1 (PID1), mRNA [NM_017933]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P393620	2,94	2,58	4,43	0,00287	TFPI2	NM_006528	Homo sapiens tissue factor pathway inhibitor 2 (TFPI2), mRNA [NM_006528]
A_23_P213562	2,83	2,32	2,17	0,00061	F2R	NM_001992	Homo sapiens coagulation factor II (thrombin) receptor (F2R), mRNA [NM_001992]
A_23_P16523	2,65	3,96	4,39	0,00054	GDF15	NM_004864	Homo sapiens growth differentiation factor 15 (GDF15), mRNA [NM_004864]
A_23_P169039	2,62	3,75	2,21	0,00062	SNAI2	NM_003068	Homo sapiens snail homolog 2 (Drosophila) (SNAI2), mRNA [NM_003068]
A_23_P111888	2,53	2,61	2,32	0,00801	CTHRC1	NM_138455	Homo sapiens collagen triple helix repeat containing 1 (CTHRC1), mRNA [NM_138455]
A_23_P502520	2,32	2,83	2,99	0,00009	IL4I1	NM_172374	Homo sapiens interleukin 4 induced 1 (IL4I1), transcript variant 2, mRNA [NM_172374]
A_23_P305060	2,30	5,17	3,55	0,00303	PBEF1	NM_005746	Homo sapiens pre-B-cell colony enhancing factor 1 (PBEF1), mRNA [NM_005746]
A_23_P160466	2,23	2,83	2,10	0,00104	SLC19A2	NM_006996	Homo sapiens solute carrier family 19 (thiamine transporter), member 2 (SLC19A2), mRNA [NM_006996]
A_23_P72096	2,20	2,02	2,27	0,00325	IL1A	NM_000575	Homo sapiens interleukin 1, alpha (IL1A), mRNA [NM_000575]
A_23_P51410	2,00	2,05	2,76	0,00095	SMYD3	NM_022743	Homo sapiens SET and MYND domain containing 3 (SMYD3), mRNA [NM_022743]

GENES INDUCIDOS *IN VITRO* Y EN EL FENOTIPO NO EPITELIOIDE

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P50919	17,84	7,75	3,45	0,00042	SERPINE2	NM_006216	Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade E (nexin), plasminogen activator inhibitor type 1, member 2 (SERPINE2), mRNA [NM_006216]
A_23_P122174	14,09	9,06	6,41	0,00001	XRCC4	NM_022550	Homo sapiens X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 4 (XRCC4), transcript variant 3, mRNA [NM_022550]
A_23_P206212	12,85	7,40	5,69	0,00043	THBS1	NM_003246	Homo sapiens thrombospondin 1 (THBS1), mRNA [NM_003246]
A_23_P144959	11,93	8,39	5,32	0,00013	VCAN	NM_004385	Homo sapiens versican (VCAN), mRNA [NM_004385]
A_23_P159325	11,34	10,45	5,26	0,00030	ANGPTL4	NM_139314	Homo sapiens angiopoietin-like 4 (ANGPTL4), transcript variant 1, mRNA [NM_139314]
A_32_P97169	9,78	12,43	6,08	0,00004	GPC6	ENST000000377047	Glypican-6 precursor. [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q9Y625] [ENST000000377047]
A_23_P206022	8,44	6,95	13,68	0,00005	ITGA11	NM_001004439	Homo sapiens integrin, alpha 11 (ITGA11), transcript variant 1, mRNA [NM_001004439]
A_23_P31945	7,76	19,58	13,05	0,00000	IL33	NM_033439	Homo sapiens interleukin 33 (IL33), mRNA [NM_033439]
A_23_P122924	7,28	7,96	2,56	0,00196	INHBA	NM_002192	Homo sapiens inhibin, beta A (activin A, activin AB alpha polypeptide) (INHBA), mRNA [NM_002192]
A_23_P81805	6,12	4,15	2,29	0,00037	VEGFA	NM_001025366	Homo sapiens vascular endothelial growth factor A (VEGFA), transcript variant 1, mRNA [NM_001025366]
A_23_P202327	6,07	4,94	6,24	0,00004	ADAM12	NM_003474	Homo sapiens ADAM metalloproteinase domain 12 (meltrin alpha) (ADAM12), transcript variant 1, mRNA [NM_003474]
A_23_P156327	5,66	5,73	4,09	0,00006	TGFBI	NM_000358	Homo sapiens transforming growth factor, beta-induced, 68kDa (TGFBI), mRNA [NM_000358]
A_23_P14083	5,65	9,94	3,46	0,00113	AMIGO2	NM_181847	Homo sapiens adhesion molecule with Ig-like domain 2 (AMIGO2), mRNA [NM_181847]
A_32_P34444	5,50	5,73	3,86	0,00067	FHOD3	NM_025135	Homo sapiens formin homology 2 domain containing 3 (FHOD3), mRNA [NM_025135]
A_23_P24104	5,50	2,65	5,99	0,00001	PLAU	NM_002658	Homo sapiens plasminogen activator, urokinase (PLAU), mRNA [NM_002658]
A_23_P200737	5,36	6,30	3,57	0,00002	RGS4	NM_005613	Homo sapiens regulator of G-protein signalling 4 (RGS4), mRNA [NM_005613]
A_24_P605612	4,97	4,01	3,59	0,00034	THBS2	NM_003247	Homo sapiens thrombospondin 2 (THBS2), mRNA [NM_003247]
A_23_P162589	4,79	5,58	3,97	0,00003	VDR	NM_001017535	Homo sapiens vitamin D (1,25-dihydroxyvitamin D3) receptor (VDR), transcript variant 2, mRNA [NM_001017535]
A_23_P56746	4,62	5,36	6,55	0,00000	FAP	NM_004460	Homo sapiens fibroblast activation protein, alpha (FAP), mRNA [NM_004460]
A_23_P571	4,57	5,73	4,59	0,00027	SLC2A1	NM_006516	Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 1 (SLC2A1), mRNA [NM_006516]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epitelioides	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P34155	4,56	12,07	4,23	0,00007	ENST00000358356	ENST00000358356	Runt-related transcription factor 1 (Core-binding factor, alpha 2 subunit) (CBF-alpha 2) (Acute myeloid leukemia 1 protein) (Oncogene AML-1) (Polyomavirus enhancer-binding protein 2 alpha B subunit) (PEBP2-alpha B) (PEA2-alpha B) (SL3-3 enhancer...
A_23_P401606	4,18	3,19	2,99	0,00033	EDIL3	NM_005711	Homo sapiens EGF-like repeats and discoidin I-like domains 3 (EDIL3). mRNA [NM_005711]
A_23_P71037	3,98	6,04	2,55	0,00727	IL6	NM_000600	Homo sapiens interleukin 6 (interferon, beta 2) (IL6). mRNA [NM_000600]
A_23_P65518	3,88	4,25	2,84	0,00221	DACT1	NM_016651	Homo sapiens dapper, antagonist of beta-catenin, homolog 1 (Xenopus laevis) (DACT1), transcript variant 1. mRNA [NM_016651]
A_23_P414273	3,79	4,08	3,47	0,00017	MST150	NM_032947	Homo sapiens MSTP150 (MST150). mRNA [NM_032947]
A_23_P127957	3,78	2,67	2,17	0,00925	P4HA3	NM_182904	Homo sapiens procollagen-proline, 2-oxoglutarate 4-dioxygenase (proline 4-hydroxylase), alpha polypeptide III (P4HA3). mRNA [NM_182904]
A_23_P79518	3,61	5,30	15,27	0,00002	IL1B	NM_000576	Homo sapiens interleukin 1, beta (IL1B). mRNA [NM_000576]
A_23_P160159	3,57	3,46	2,59	0,00479	SLC2A5	NM_003039	Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose/fructose transporter), member 5 (SLC2A5). mRNA [NM_003039]
A_23_P432947	3,54	4,14	19,24	0,00001	GREM1	NM_013372	Homo sapiens gremlin 1, cysteine knot superfamily, homolog (Xenopus laevis) (GREM1). mRNA [NM_013372]
A_23_P62021	3,52	3,31	4,43	0,00027	THBS2	L12350	Human thrombospondin 2 (THBS2) mRNA, complete cds. [L12350]
A_32_P178800	3,28	2,69	3,08	0,00061	ITGA2	NM_002203	Homo sapiens integrin, alpha 2 (CD49B, alpha 2 subunit of VLA-2 receptor) (ITGA2). mRNA [NM_002203]
A_23_P84063	3,25	2,17	4,37	0,00020	HNT	NM_016522	Homo sapiens neurotrophin (HNT), transcript variant 1. mRNA [NM_016522]
A_23_P131614	3,20	2,25	5,93	0,00014	COL6A3	NM_004369	Homo sapiens collagen, type VI, alpha 3 (COL6A3), transcript variant 1. mRNA [NM_004369]
A_24_P117410	3,20	2,75	3,20	0,00009	KLHDC7B	NM_138433	Homo sapiens kelch domain containing 7B (KLHDC7B). mRNA [NM_138433]
A_23_P259692	3,15	4,92	3,03	0,00021	PSAT1	NM_058179	Homo sapiens phosphoserine aminotransferase 1 (PSAT1), transcript variant 1. mRNA [NM_058179]
A_24_P347411	3,15	3,18	3,27	0,00345	POSTN	NM_006475	Homo sapiens periostin, osteoblast specific factor (POSTN). mRNA [NM_006475]
A_23_P43164	3,11	2,88	3,94	0,00008	SULF1	NM_015170	Homo sapiens sulfatase 1 (SULF1). mRNA [NM_015170]
A_23_P160318	3,09	5,45	2,66	0,00088	COL16A1	NM_001856	Homo sapiens collagen, type XVI, alpha 1 (COL16A1). mRNA [NM_001856]
A_23_P111995	3,07	3,69	2,29	0,00005	LOXL2	NM_002318	Homo sapiens lysyl oxidase-like 2 (LOXL2). mRNA [NM_002318]
A_23_P218646	3,07	2,19	4,16	0,00009	TNFRSF6B	NM_032945	Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 6b, decoy (TNFRSF6B), transcript variant M68C. mRNA [NM_032945]
A_23_P21485	3,04	3,47	5,50	0,00013	PID1	NM_017933	Homo sapiens phosphotyrosine interaction domain containing 1 (PID1). mRNA [NM_017933]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epitelioides	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P120316	3,00	4,45	4,53	0,00003	MTHFD2	NM_006636	Homo sapiens methylenetetrahydrofolate dehydrogenase (NADP+ dependent) 2. methylenetetrahydrofolate cyclohydrolase (MTHFD2), nuclear gene encoding mitochondrial protein. transcript variant 1. mRNA [NM_006636]
A_24_P23625	2,96	2,57	2,81	0,00020	HS3ST3B1	ENST00000360954	Heparan sulfate glucosamine 3-O-sulfotransferase 3B1 (EC 2.8.2.30) (Heparan sulfate D-glucosaminyl 3-O-sulfotransferase 3B1) (h3-OST-3B). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q9Y662] [ENST00000360954]
A_23_P165624	2,96	7,35	6,42	0,00004	TNFAIP6	NM_007115	Homo sapiens tumor necrosis factor, alpha-induced protein 6 (TNFAIP6). mRNA [NM_007115]
A_23_P393620	2,94	2,58	11,61	0,00001	TFPI2	NM_006528	Homo sapiens tissue factor pathway inhibitor 2 (TFPI2). mRNA [NM_006528]
A_23_P207507	2,91	5,73	3,01	0,00008	ABCC3	NM_003786	Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family C (CFTR/MRP), member 3 (ABCC3). mRNA [NM_003786]
A_23_P19333	2,90	2,40	2,12	0,00364	TREM1	NM_018643	Homo sapiens triggering receptor expressed on myeloid cells 1 (TREM1). mRNA [NM_018643]
A_23_P213562	2,83	2,32	4,46	0,00001	F2R	NM_001992	Homo sapiens coagulation factor II (thrombin) receptor (F2R). mRNA [NM_001992]
A_24_P598836	2,82	2,42	2,89	0,00003	ITGB1	AF086249	Homo sapiens full length insert cDNA clone ZD39G09. [AF086249]
A_23_P139704	2,73	3,00	2,97	0,00006	DUSP6	NM_001946	Homo sapiens dual specificity phosphatase 6 (DUSP6). transcript variant 1. mRNA [NM_001946]
A_23_P16523	2,65	3,96	4,66	0,00001	GDF15	NM_004864	Homo sapiens growth differentiation factor 15 (GDF15). mRNA [NM_004864]
A_24_P250922	2,65	2,49	4,03	0,00051	PTGS2	NM_000963	Homo sapiens prostaglandin-endoperoxide synthase 2 (PTGS2). mRNA [NM_000963]
A_23_P169039	2,62	3,75	3,58	0,00002	SNAI2	NM_003068	Homo sapiens snail homolog 2 (Drosophila) (SNAI2). mRNA [NM_003068]
A_24_P39378	2,53	2,11	2,29	0,00015	CCPG1	NM_004748	Homo sapiens cell cycle progression 1 (CCPG1). transcript variant 1. mRNA [NM_004748]
A_23_P111888	2,53	2,61	10,61	0,00006	CTHRC1	NM_138455	Homo sapiens collagen triple helix repeat containing 1 (CTHRC1). mRNA [NM_138455]
A_23_P348257	2,50	2,98	2,38	0,00128	NUAK1	NM_014840	Homo sapiens NUAK family SNF1-like kinase. 1 (NUAK1). mRNA [NM_014840]
A_24_P148261	2,47	3,98	2,23	0,00096	TGFB2	ENST00000366930	Transforming growth factor beta-2 precursor (TGF-beta-2) (Glioblastoma-derived T-cell suppressor factor) (G-TSF) (BSC-1 cell growth inhibitor) (Polymerin) (Cetermin). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P61812] [ENST00000366930]
A_23_P111260	2,42	2,32	2,79	0,00003	NT5E	NM_002526	Homo sapiens 5'-nucleotidase, ecto (CD73) (NT5E). mRNA [NM_002526]
A_23_P301521	2,37	3,27	2,86	0,00021	KIAA1462	ENST00000375377	Novel protein. [Source:Uniprot/SPTREMBL;Acc:Q5T992] [ENST00000375377]
A_23_P431388	2,35	3,66	2,23	0,00003	SPOCD1	NM_144569	Homo sapiens SPOC domain containing 1 (SPOCD1). mRNA [NM_144569]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P39955	2,33	6,88	3,84	0,00002	ACTG2	NM_001615	Homo sapiens actin. gamma 2. smooth muscle. enteric (ACTG2). mRNA [NM_001615]
A_23_P502520	2,32	2,83	2,12	0,00005	IL411	NM_172374	Homo sapiens interleukin 4 induced 1 (IL411). transcript variant 2. mRNA [NM_172374]
A_23_P305060	2,30	5,17	3,55	0,00013	PBEF1	NM_005746	Homo sapiens pre-B-cell colony enhancing factor 1 (PBEF1). mRNA [NM_005746]
A_23_P1331	2,24	2,35	7,66	0,00007	COL13A1	NM_005203	Homo sapiens collagen. type XIII. alpha 1 (COL13A1). transcript variant 1. mRNA [NM_005203]
A_23_P145965	2,23	2,38	2,41	0,00038	TPST1	NM_003596	Homo sapiens tyrosylprotein sulfotransferase 1 (TPST1). mRNA [NM_003596]
A_23_P160466	2,23	2,83	2,88	0,00003	SLC19A2	NM_006996	Homo sapiens solute carrier family 19 (thiamine transporter). member 2 (SLC19A2). mRNA [NM_006996]
A_23_P211007	2,22	3,11	2,52	0,00004	NRIP1	NM_003489	Homo sapiens nuclear receptor interacting protein 1 (NRIP1). mRNA [NM_003489]
A_23_P72096	2,20	2,02	2,73	0,00058	IL1A	NM_000575	Homo sapiens interleukin 1. alpha (IL1A). mRNA [NM_000575]
A_24_P56388	2,20	2,57	2,62	0,00006	HIF1A	NM_181054	Homo sapiens hypoxia-inducible factor 1. alpha subunit (basic helix-loop-helix transcription factor) (HIF1A). transcript variant 2. mRNA [NM_181054]
A_23_P70660	2,20	2,40	2,53	0,00034	FAM46A	NM_017633	Homo sapiens family with sequence similarity 46. member A (FAM46A). mRNA [NM_017633]
A_23_P46928	2,18	2,37	2,31	0,00022	PFKP	NM_002627	Homo sapiens phosphotransferase. platelet (PFKP). mRNA [NM_002627]
A_23_P96383	2,16	2,54	3,68	0,00003	SRPX	NM_006307	Homo sapiens sushi-repeat-containing protein. X-linked (SRPX). mRNA [NM_006307]
A_23_P53546	2,15	2,29	2,04	0,00006	ENST00000229270	ENST00000229270	Triosephosphate isomerase (EC 5.3.1.1) (TIM) [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P60174] [ENST00000229270]
A_32_P162726	2,13	2,47	2,17	0,00004	AF126109	AF126109	Homo sapiens clone TA40 untranslated mRNA. complete sequence. [AF126109]
A_23_P18806	2,12	2,19	2,69	0,00011	YIPF5	NM_030799	Homo sapiens Yip1 domain family. member 5 (YIPF5). transcript variant 2. mRNA [NM_030799]
A_23_P121082	2,11	3,72	2,59	0,00041	GBE1	NM_000158	Homo sapiens glucan (1,4-alpha-). branching enzyme 1 (glycogen branching enzyme. Andersen disease. glycogen storage disease type IV) (GBE1). mRNA [NM_000158]
A_23_P113701	2,08	2,22	2,32	0,00041	PDGFA	NM_002607	Homo sapiens platelet-derived growth factor alpha polypeptide (PDGFA). transcript variant 1. mRNA [NM_002607]
A_23_P420692	2,04	2,08	2,01	0,00366	PPFIA4	NM_015053	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase. receptor type. f polypeptide (PTPRF). interacting protein (liprin). alpha 4 (PPFIA4). mRNA [NM_015053]
A_23_P51410	2,00	2,05	6,83	0,00000	SMYD3	NM_022743	Homo sapiens SET and MYND domain containing 3 (SMYD3). mRNA [NM_022743]

GENES INDUCIDOS *IN VITRO*, FENOTIPO NO EPITELIOIDE Y EPITHELIOIDE

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epitelioide	FDR	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P122174	14,09	9,06	6,41	0,00001	2,68	0,00498	XRCC4	NM_022550	Homo sapiens X-ray repair complementing defective repair in Chinese hamster cells 4 (XRCC4), transcript variant 3, mRNA [NM_022550]
A_23_P206022	8,44	6,95	13,68	0,00005	3,35	0,00368	ITGA11	NM_001004439	Homo sapiens integrin, alpha 11 (ITGA11), transcript variant 1, mRNA [NM_001004439]
A_23_P202327	6,07	4,94	6,24	0,00004	4,03	0,00004	ADAM12	NM_003474	Homo sapiens ADAM metalloproteinase domain 12 (meltrin alpha) (ADAM12), transcript variant 1, mRNA [NM_003474]
A_23_P162589	4,79	5,58	3,97	0,00003	2,51	0,00020	VDR	NM_001017535	Homo sapiens vitamin D (1,25-dihydroxyvitamin D3) receptor (VDR), transcript variant 2, mRNA [NM_001017535]
A_23_P56746	4,62	5,36	6,55	0,00000	5,60	0,00000	FAP	NM_004460	Homo sapiens fibroblast activation protein, alpha (FAP), mRNA [NM_004460]
A_24_P34155	4,56	12,07	4,23	0,00007	2,33	0,00034	ENST00000358356	ENST00000358356	Runt-related transcription factor 1 (Core-binding factor, alpha 2 subunit) (CBF-alpha 2) (Acute myeloid leukemia 1 protein) (Oncogene AML-1) (Polyomavirus enhancer-binding protein 2 alpha B subunit) (PEBP2-alpha B) (PEA2-alpha B) (SL3-3 enhancer...)
A_23_P432947	3,54	4,14	19,24	0,00001	14,36	0,00007	GREM1	NM_013372	Homo sapiens gremlin 1, cysteine knot superfamily, homolog (Xenopus laevis) (GREM1), mRNA [NM_013372]
A_24_P117410	3,20	2,75	3,20	0,00009	2,51	0,00025	KLHDC7B	NM_138433	Homo sapiens kelch domain containing 7B (KLHDC7B), mRNA [NM_138433]
A_24_P347411	3,15	3,18	3,27	0,00345	4,39	0,00177	POSTN	NM_006475	Homo sapiens periostin, osteoblast specific factor (POSTN), mRNA [NM_006475]
A_23_P218646	3,07	2,19	4,16	0,00009	2,01	0,00163	TNFRSF6B	NM_032945	Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 6b, decoy (TNFRSF6B), transcript variant M68C, mRNA [NM_032945]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epitelioide	FDR	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P21485	3,04	3,47	5,50	0,00013	2,26	0,00683	PID1	NM_017933	Homo sapiens phosphotyrosine interaction domain containing 1 (PID1), mRNA [NM_017933]
A_23_P393620	2,94	2,58	11,61	0,00001	4,43	0,00287	TFPI2	NM_006528	Homo sapiens tissue factor pathway inhibitor 2 (TFPI2), mRNA [NM_006528]
A_23_P213562	2,83	2,32	4,46	0,00001	2,17	0,00061	F2R	NM_001992	Homo sapiens coagulation factor II (thrombin) receptor (F2R), mRNA [NM_001992]
A_23_P16523	2,65	3,96	4,66	0,00001	4,39	0,00054	GDF15	NM_004864	Homo sapiens growth differentiation factor 15 (GDF15), mRNA [NM_004864]
A_23_P169039	2,62	3,75	3,58	0,00002	2,21	0,00062	SNAI2	NM_003068	Homo sapiens snail homolog 2 (Drosophila) (SNAI2), mRNA [NM_003068]
A_23_P111888	2,53	2,61	10,61	0,00006	2,32	0,00801	CTHRC1	NM_138455	Homo sapiens collagen triple helix repeat containing 1 (CTHRC1), mRNA [NM_138455]
A_23_P502520	2,32	2,83	2,12	0,00005	2,99	0,00009	IL411	NM_172374	Homo sapiens interleukin 4 induced 1 (IL411), transcript variant 2, mRNA [NM_172374]
A_23_P305060	2,30	5,17	3,55	0,00013	3,55	0,00303	PBEF1	NM_005746	Homo sapiens pre-B-cell colony enhancing factor 1 (PBEF1), mRNA [NM_005746]
A_23_P160466	2,23	2,83	2,88	0,00003	2,10	0,00104	SLC19A2	NM_006996	Homo sapiens solute carrier family 19 (thiamine transporter), member 2 (SLC19A2), mRNA [NM_006996]
A_23_P72096	2,20	2,02	2,73	0,00058	2,27	0,00325	IL1A	NM_000575	Homo sapiens interleukin 1, alpha (IL1A), mRNA [NM_000575]
A_23_P51410	2,00	2,05	6,83	0,00000	2,76	0,00095	SMYD3	NM_022743	Homo sapiens SET and MYND domain containing 3 (SMYD3), mRNA [NM_022743]

GENES COMUNES REPRIMIDOS EN EL FENOTIPO NO EPITELIOIDE Y EPITELIOIDE

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P39056	0,03	0,00000	0,09	0,00003	KLK7	NM_005046	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 7 (KLK7), transcript variant 1, mRNA [NM_005046]
A_23_P65618	0,05	0,00000	0,09	0,00012	TGM1	NM_000359	Homo sapiens transglutaminase 1 (K polypeptide epidermal type I, protein-glutamine-gamma-glutamyltransferase) (TGM1), mRNA [NM_000359]
A_23_P369343	0,06	0,00001	0,19	0,00008	KLK8	NM_144505	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 8 (KLK8), transcript variant 2, mRNA [NM_144505]
A_23_P91390	0,06	0,00000	0,30	0,00718	THBD	NM_000361	Homo sapiens thrombomodulin (THBD), mRNA [NM_000361]
A_23_P416774	0,06	0,00000	0,12	0,00005	CLIC5	NM_016929	Homo sapiens chloride intracellular channel 5 (CLIC5), mRNA [NM_016929]
A_23_P167129	0,06	0,00000	0,17	0,00012	HHIP	NM_022475	Homo sapiens hedgehog interacting protein (HHIP), mRNA [NM_022475]
A_23_P208779	0,07	0,00000	0,22	0,00235	EPS8L1	NM_133180	Homo sapiens EPS8-like 1 (EPS8L1), transcript variant 1, mRNA [NM_133180]
A_23_P59738	0,07	0,00000	0,07	0,00000	MYL7	NM_021223	Homo sapiens myosin, light chain 7, regulatory (MYL7), mRNA [NM_021223]
A_23_P206760	0,08	0,00000	0,24	0,00018	HP	NM_005143	Homo sapiens haptoglobin (HP), mRNA [NM_005143]
A_32_P107617	0,08	0,00000	0,15	0,00083	SFTPD	NM_003019	Homo sapiens surfactant, pulmonary-associated protein D (SFTPD), mRNA [NM_003019]
A_23_P91230	0,09	0,00000	0,16	0,00001	SLPI	NM_003064	Homo sapiens secretory leukocyte peptidase inhibitor (SLPI), mRNA [NM_003064]
A_23_P153480	0,09	0,00000	0,15	0,00002	KLK5	NM_012427	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 5 (KLK5), transcript variant 1, mRNA [NM_012427]
A_23_P206359	0,09	0,00003	0,39	0,00394	CDH1	NM_004360	Homo sapiens cadherin 1, type 1, E-cadherin (epithelial) (CDH1), mRNA [NM_004360]
A_23_P146946	0,09	0,00000	0,11	0,00001	CST6	NM_001323	Homo sapiens cystatin E/M (CST6), mRNA [NM_001323]
A_23_P153571	0,09	0,00000	0,12	0,00009	IGFL2	NM_001002915	Homo sapiens IGF-like family member 2 (IGFL2), mRNA [NM_001002915]
A_24_P31627	0,09	0,00000	0,27	0,00027	KCNB1	NM_004975	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, Shab-related subfamily, member 1 (KCNB1), mRNA [NM_004975]
A_23_P304921	0,10	0,00000	0,27	0,00044	NOX1	NM_013955	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1Lv, mRNA [NM_013955]
A_23_P18078	0,10	0,00004	0,29	0,00012	RARRES1	NM_002888	Homo sapiens retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 1 (RARRES1), transcript variant 2, mRNA [NM_002888]
A_24_P555066	0,10	0,00000	0,22	0,00010	SMTNL2	NM_198501	Homo sapiens smoothelin-like 2 (SMTNL2), mRNA [NM_198501]
A_23_P101505	0,11	0,00003	0,47	0,00123	KLK11	NM_144947	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 11 (KLK11), transcript variant 2, mRNA [NM_144947]
A_23_P60742	0,11	0,00000	0,11	0,00000	MYLPF	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPF), mRNA [NM_013292]
A_23_P214627	0,12	0,00000	0,43	0,00056	AIF1	NM_004847	Homo sapiens allograft inflammatory factor 1 (AIF1), transcript variant 2, mRNA [NM_004847]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P156687	0,12	0,00001	0,45	0,00570	CFB	NM_001710	Homo sapiens complement factor B (CFB), mRNA [NM_001710]
A_23_P161280	0,12	0,00000	0,18	0,00000	SPOCK2	NM_014767	Homo sapiens sparc/osteonectin, cwcv and kazal-like domains proteoglycan (testican) 2 (SPOCK2), mRNA [NM_014767]
A_24_P305784	0,12	0,00006	0,33	0,00095	SPANXB2	NM_145664	Homo sapiens SPANX family, member B2 (SPANXB2), mRNA [NM_145664]
A_23_P5200	0,13	0,00000	0,23	0,00004	NPHS1	NM_004646	Homo sapiens nephrosis 1, congenital, Finnish type (nephryn) (NPHS1), mRNA [NM_004646]
A_23_P203191	0,13	0,00000	0,11	0,00000	APOA1	NM_000039	Homo sapiens apolipoprotein A-I (APOA1), mRNA [NM_000039]
A_23_P85015	0,13	0,00000	0,42	0,00097	MAOB	NM_000898	Homo sapiens monoamine oxidase B (MAOB), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_000898]
A_23_P112289	0,14	0,00000	0,21	0,00000	TMOD1	NM_003275	Homo sapiens tropomodulin 1 (TMOD1), mRNA [NM_003275]
A_23_P215060	0,14	0,00001	0,11	0,00059	PODXL	NM_005397	Homo sapiens podocalyxin-like (PODXL), transcript variant 2, mRNA [NM_005397]
A_23_P73501	0,14	0,00005	0,31	0,00031	SPANXD	NM_032417	Homo sapiens SPANX family, member D (SPANXD), mRNA [NM_032417]
A_23_P217280	0,14	0,00000	0,31	0,00036	NOX1	NM_007052	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1L, mRNA [NM_007052]
A_23_P213745	0,14	0,00006	0,31	0,00031	CXCL14	NM_004887	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 14 (CXCL14), mRNA [NM_004887]
A_23_P12082	0,14	0,00000	0,27	0,00000	CHI3L2	NM_004000	Homo sapiens chitinase 3-like 2 (CHI3L2), transcript variant 1, mRNA [NM_004000]
A_24_P52597	0,14	0,00000	0,14	0,00000	CYP17A1	NM_000102	Homo sapiens cytochrome P450, family 17, subfamily A, polypeptide 1 (CYP17A1), mRNA [NM_000102]
A_23_P171074	0,14	0,00002	0,32	0,00100	ITM2A	NM_004867	Homo sapiens integral membrane protein 2A (ITM2A), mRNA [NM_004867]
A_23_P36531	0,14	0,00013	0,26	0,00204	TSPAN8	NM_004616	Homo sapiens tetraspanin 8 (TSPAN8), mRNA [NM_004616]
A_23_P26865	0,14	0,00012	0,15	0,00008	MYH3	NM_002470	Homo sapiens myosin, heavy chain 3, skeletal muscle, embryonic (MYH3), mRNA [NM_002470]
A_24_P45728	0,14	0,00000	0,35	0,00046	CGN	NM_020770	Homo sapiens cingulin (CGN), mRNA [NM_020770]
A_23_P107911	0,15	0,00000	0,43	0,00066	KLK10	NM_002776	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 10 (KLK10), transcript variant 1, mRNA [NM_002776]
A_24_P112160	0,15	0,00000	0,48	0,00110	UPK3B	NM_030570	Homo sapiens uroplakin 3B (UPK3B), transcript variant 1, mRNA [NM_030570]
A_23_P19754	0,15	0,00000	0,31	0,00031	CPA4	NM_016352	Homo sapiens carboxypeptidase A4 (CPA4), mRNA [NM_016352]
A_23_P421493	0,15	0,00000	0,28	0,00009	HPR	NM_020995	Homo sapiens haptoglobin-related protein (HPR), mRNA [NM_020995]
A_23_P114862	0,15	0,00003	0,26	0,00021	ANGPTL7	NM_021146	Homo sapiens angiopoietin-like 7 (ANGPTL7), mRNA [NM_021146]
A_23_P316410	0,16	0,00000	0,35	0,00171	NOX1	NM_013954	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1S, mRNA [NM_013954]
A_23_P60130	0,16	0,00001	0,16	0,00001	MAL2	NM_052886	Homo sapiens mal, T-cell differentiation protein 2 (MAL2), mRNA [NM_052886]
A_23_P78099	0,16	0,00000	0,24	0,00006	VTN	NM_000638	Homo sapiens vitronectin (VTN), mRNA [NM_000638]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P113793	0,16	0,00017	0,21	0,00020	ZBED2	NM_024508	Homo sapiens zinc finger, BED-type containing 2 (ZBED2), mRNA [NM_024508]
A_23_P415706	0,16	0,00000	0,28	0,00014	ENST00000376682	ENST00000376682	Probable G-protein coupled receptor 133 precursor (G-protein coupled receptor PGR25), [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q6QNK2]
A_24_P200219	0,16	0,00001	0,24	0,00002	UPK1B	NM_006952	Homo sapiens uroplakin 1B (UPK1B), mRNA [NM_006952]
A_23_P217379	0,17	0,00058	0,45	0,00826	COL4A6	NM_033641	Homo sapiens collagen, type IV, alpha 6 (COL4A6), transcript variant B, mRNA [NM_033641]
A_23_P138352	0,17	0,00011	0,46	0,00230	WNT2B	NM_004185	Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 2B (WNT2B), transcript variant WNT-2B1, mRNA [NM_004185]
A_23_P394304	0,17	0,00001	0,39	0,00085	PDZK1IP1	NM_005764	Homo sapiens PDZK1 interacting protein 1 (PDZK1IP1), mRNA [NM_005764]
A_23_P105803	0,18	0,00002	0,32	0,00148	FGF9	NM_002010	Homo sapiens fibroblast growth factor 9 (glia-activating factor) (FGF9), mRNA [NM_002010]
A_23_P217570	0,18	0,00006	0,31	0,00064	CAPN6	NM_014289	Homo sapiens calpain 6 (CAPN6), mRNA [NM_014289]
A_23_P5211	0,18	0,00000	0,45	0,00180	MUC16	NM_024690	Homo sapiens mucin 16, cell surface associated (MUC16), mRNA [NM_024690]
A_23_P93442	0,19	0,00000	0,50	0,00019	SASH1	NM_015278	Homo sapiens SAM and SH3 domain containing 1 (SASH1), mRNA [NM_015278]
A_23_P83134	0,19	0,00003	0,39	0,00028	GAS1	NM_002048	Homo sapiens growth arrest-specific 1 (GAS1), mRNA [NM_002048]
A_23_P97700	0,20	0,00001	0,13	0,00093	TXNIP	NM_006472	Homo sapiens thioredoxin interacting protein (TXNIP), mRNA [NM_006472]
A_23_P500886	0,20	0,00000	0,38	0,00019	CLDN15	NM_014343	Homo sapiens claudin 15 (CLDN15), transcript variant 1, mRNA [NM_014343]
A_23_P87346	0,20	0,00015	0,36	0,00024	HBD	NM_000519	Homo sapiens hemoglobin, delta (HBD), mRNA [NM_000519]
A_23_P253911	0,20	0,00000	0,39	0,00016	CHRNA3	NM_000743	Homo sapiens cholinergic receptor, nicotinic, alpha 3 (CHRNA3), mRNA [NM_000743]
A_23_P114185	0,20	0,00000	0,31	0,00005	TSPAN7	NM_004615	Homo sapiens tetraspanin 7 (TSPAN7), mRNA [NM_004615]
A_23_P252432	0,20	0,00006	0,16	0,00000	TM4SF4	NM_004617	Homo sapiens transmembrane 4 L six family member 4 (TM4SF4), mRNA [NM_004617]
A_23_P80162	0,21	0,00001	0,43	0,00186	TMPRSS3	NM_032405	Homo sapiens transmembrane protease, serine 3 (TMPRSS3), transcript variant D, mRNA [NM_032405]
A_23_P138706	0,21	0,00000	0,20	0,00003	ADRA2A	NM_000681	Homo sapiens adrenergic, alpha-2A-, receptor (ADRA2A), mRNA [NM_000681]
A_23_P218675	0,21	0,00001	0,36	0,00048	WFDC2	NM_080734	Homo sapiens WAP four-disulfide core domain 2 (WFDC2), transcript variant 4, mRNA [NM_080734]
A_23_P256033	0,21	0,00001	0,41	0,00002	EEF1A2	NM_001958	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 2 (EEF1A2), mRNA [NM_001958]
A_24_P602871	0,21	0,00000	0,48	0,00633	SAMD5	NM_001030060	Homo sapiens SAM domain containing 1 (LOC389432), mRNA [NM_001030060]
A_23_P160881	0,21	0,00000	0,40	0,00013	SMIPDL3B	NM_001009568	Homo sapiens sphingomyelin phosphodiesterase, acid-like 3B (SMIPDL3B), transcript variant 2, mRNA [NM_001009568]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P289260	0,22	0,00000	0,49	0,00809	DACT2	NM_214462	Homo sapiens dapper, antagonist of beta-catenin, homolog 2 (Xenopus laevis) (DACT2), mRNA [NM_214462]
A_23_P382607	0,22	0,00003	0,34	0,00048	WNT4	NM_030761	Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 4 (WNT4), mRNA [NM_030761]
A_23_P140434	0,22	0,00001	0,47	0,00009	MYO5C	NM_018728	Homo sapiens myosin VC (MYO5C), mRNA [NM_018728]
A_23_P201790	0,22	0,00000	0,32	0,00040	PPP1R12B	NM_032105	Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 12B (PPP1R12B), transcript variant 2, mRNA [NM_032105]
A_23_P208482	0,23	0,00000	0,25	0,00002	CLEC4M	NM_214677	Homo sapiens C-type lectin domain family 4, member M (CLEC4M), transcript variant 4, mRNA [NM_214677]
A_23_P42909	0,23	0,00000	0,40	0,00012	TMEM139	NM_153345	Homo sapiens transmembrane protein 139 (TMEM139), mRNA [NM_153345]
A_32_P231617	0,23	0,00034	0,32	0,00062	TM4SF1	NM_014220	Homo sapiens transmembrane 4 L six family member 1 (TM4SF1), mRNA [NM_014220]
A_24_P293698	0,24	0,00001	0,34	0,00016	RSPO1	NM_001038633	Homo sapiens R-spondin homolog (Xenopus laevis) (RSPO1), mRNA [NM_001038633]
A_23_P348146	0,24	0,00005	0,49	0,00075	SLAIN1	NM_144595	Homo sapiens SLAIN motif family, member 1 (SLAIN1), transcript variant 2, mRNA [NM_144595]
A_23_P11843	0,24	0,00000	0,38	0,00017	LRRN2	NM_201630	Homo sapiens leucine rich repeat neuronal 2 (LRRN2), transcript variant 2, mRNA [NM_201630]
A_23_P101407	0,24	0,00002	0,45	0,00283	C3	NM_000064	Homo sapiens complement component 3 (C3), mRNA [NM_000064]
A_24_P150023	0,24	0,00000	0,35	0,00001	KCNA4	NM_002233	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, member 4 (KCNA4), mRNA [NM_002233]
A_23_P250212	0,24	0,00002	0,31	0,00010	DKFZp761P0423	ENST00000330777	Tyrosine-protein kinase Sgk223 (EC 2.7.10.2) (Sugen kinase 223), [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q86YV5] [ENST00000330777]
A_24_P267293	0,24	0,00002	0,39	0,00036	SARM1	NM_015077	Homo sapiens sterile alpha and TIR motif containing 1 (SARM1), mRNA [NM_015077]
A_23_P48988	0,25	0,00000	0,38	0,00022	SH3GL3	NM_003027	Homo sapiens SH3-domain GRB2-like 3 (SH3GL3), mRNA [NM_003027]
A_23_P35277	0,25	0,00005	0,48	0,00067	FAM5B	NM_021165	Homo sapiens family with sequence similarity 5, member B (FAM5B), mRNA [NM_021165]
A_23_P32414	0,26	0,00005	0,50	0,00536	RP6-213H19.1	NM_016542	Homo sapiens serine/threonine protein kinase MST4 (MST4), transcript variant 1, mRNA [NM_016542]
A_23_P214944	0,26	0,00000	0,46	0,00000	ALDH8A1	NM_022568	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 8 family, member A1 (ALDH8A1), transcript variant 1, mRNA [NM_022568]
A_23_P128084	0,26	0,00183	0,50	0,00255	ITGA7	NM_002206	Homo sapiens integrin, alpha 7 (ITGA7), mRNA [NM_002206]
A_23_P131676	0,26	0,00005	0,46	0,00503	CXCR7	NM_020311	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) receptor 7 (CXCR7), transcript variant 2, mRNA [NM_020311]
A_23_P83388	0,26	0,00002	0,32	0,00003	EPPK1	NM_031308	Homo sapiens epiplakin 1 (EPPK1), mRNA [NM_031308]
A_23_P3532	0,26	0,00000	0,48	0,00083	LITAF	NM_004862	Homo sapiens lipopolysaccharide-induced TNF factor (LITAF), mRNA [NM_004862]
A_24_P278747	0,26	0,00000	0,41	0,00002	CCND2	NM_001759	Homo sapiens cyclin D2 (CCND2), mRNA [NM_001759]
A_23_P156117	0,27	0,00000	0,50	0,00011	CYFIP2	NM_014376	Homo sapiens cytoplasmic FMR1 interacting protein 2 (CYFIP2), transcript variant 3, mRNA [NM_014376]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P11644	0,27	0,00000	0,44	0,00109	SPRR2D	NM_006945	Homo sapiens small proline-rich protein 2D (SPRR2D), mRNA [NM_006945]
A_23_P104798	0,27	0,00068	0,34	0,00007	IL18	NM_001562	Homo sapiens interleukin 18 (interferon-gamma-inducing factor) (IL18), mRNA [NM_001562]
A_23_P394246	0,27	0,00001	0,43	0,00025	GPR81	ENST00000356987	Probable G-protein coupled receptor 81 (G-protein coupled receptor 104), [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q9BXC0] [ENST00000356987]
A_23_P116280	0,27	0,00000	0,50	0,00009	WT1	NM_024424	Homo sapiens Wilms tumor 1 (WT1), transcript variant B, mRNA [NM_024424]
A_23_P371107	0,27	0,00000	0,30	0,00000	D4S234E	NM_014392	Homo sapiens DNA segment on chromosome 4 (unique) 234 expressed sequence (D4S234E), transcript variant 1, mRNA [NM_014392]
A_32_P190303	0,28	0,00003	0,47	0,00013	LONRF2	NM_198461	Homo sapiens LON peptidase N-terminal domain and ring finger 2 (LONRF2), mRNA [NM_198461]
A_23_P319423	0,28	0,00011	0,45	0,00165	KCNK5	NM_003740	Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 5 (KCNK5), mRNA [NM_003740]
A_24_P215882	0,28	0,00000	0,40	0,00002	ARHGDI	NM_001176	Homo sapiens Rho GDP dissociation inhibitor (GDI) gamma (ARHGDI), mRNA [NM_001176]
A_24_P659113	0,28	0,00004	0,44	0,00083	CCNYL1	NM_152523	Homo sapiens cyclin Y-like 1 (CCNYL1), mRNA [NM_152523]
A_23_P34031	0,29	0,00000	0,35	0,00002	XAGE2	NM_130777	Homo sapiens X antigen family, member 2 (XAGE2), mRNA [NM_130777]
A_24_P356916	0,29	0,00000	0,49	0,00036	SLC13A3	NM_001011554	Homo sapiens solute carrier family 13 (sodium-dependent dicarboxylate transporter), member 3 (SLC13A3), transcript variant 2, mRNA [NM_001011554]
A_23_P120794	0,29	0,00001	0,44	0,00038	SLC7A4	NM_004173	Homo sapiens solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 4 (SLC7A4), mRNA [NM_004173]
A_23_P211899	0,29	0,00001	0,40	0,00001	THC2522889	THC2522889	GPR27_HUMAN (Q9NS67) Probable G-protein coupled receptor 27 (Super conserved receptor expressed in brain 1), complete [THC2522889]
A_32_P141418	0,29	0,00000	0,31	0,00000	ARMC4	NM_018076	Homo sapiens armadillo repeat containing 4 (ARMC4), mRNA [NM_018076]
A_23_P120863	0,29	0,00005	0,42	0,00048	GAL3ST1	NM_004861	Homo sapiens galactose-3-O-sulfotransferase 1 (GAL3ST1), mRNA [NM_004861]
A_23_P210001	0,30	0,00003	0,12	0,00000	PAX8	NM_003466	Homo sapiens paired box gene 8 (PAX8), transcript variant PAX8A, mRNA [NM_003466]
A_24_P14464	0,30	0,00000	0,42	0,00021	WFDC2	NM_080736	Homo sapiens WAP four-disulfide core domain 2 (WFDC2), transcript variant 2, mRNA [NM_080736]
A_23_P6822	0,30	0,00025	0,38	0,00020	ITIH3	NM_002217	Homo sapiens inter-alpha (globulin) inhibitor H3 (ITIH3), mRNA [NM_002217]
A_23_P96285	0,31	0,00001	0,44	0,00043	REEP1	NM_022912	Homo sapiens receptor accessory protein 1 (REEP1), mRNA [NM_022912]
A_23_P500614	0,31	0,00001	0,42	0,00033	TNFRSF8	NM_001243	Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 8 (TNFRSF8), transcript variant 1, mRNA [NM_001243]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P325642	0,31	0,00001	0,43	0,00049	PDIA2	NM_006849	Homo sapiens protein disulfide isomerase family A, member 2 (PDIA2), mRNA [NM_006849]
A_23_P334308	0,31	0,00003	0,50	0,00002	KIAA0774	NM_001033602	Homo sapiens KIAA0774 (KIAA0774), transcript variant 1, mRNA [NM_001033602]
A_23_P167509	0,32	0,00000	0,46	0,00003	CYFIP2	NM_001037332	Homo sapiens cytoplasmic FMR1 interacting protein 2 (CYFIP2), transcript variant 2, mRNA [NM_001037332]
A_23_P5778	0,32	0,00000	0,44	0,00004	RAB17	NM_022449	Homo sapiens RAB17, member RAS oncogene family (RAB17), mRNA [NM_022449]
A_23_P118615	0,32	0,00000	0,48	0,00011	ABCA8	NM_007168	Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 8 (ABCA8), mRNA [NM_007168]
A_23_P257231	0,32	0,00002	0,46	0,00002	AGXT2L1	NM_031279	Homo sapiens alanine-glyoxylate aminotransferase 2-like 1 (AGXT2L1), mRNA [NM_031279]
A_23_P255444	0,32	0,00000	0,36	0,00000	DAPP1	NM_014395	Homo sapiens dual adaptor of phosphotyrosine and 3-phosphoinositides (DAPP1), mRNA [NM_014395]
A_32_P179998	0,33	0,00000	0,49	0,00012	DMRTC1	NM_033053	Homo sapiens DMRTC-like family C1 (DMRTC1), mRNA [NM_033053]
A_23_P7402	0,33	0,00011	0,50	0,00499	PDZD2	NM_178140	Homo sapiens PDZ domain containing 2 (PDZD2), mRNA [NM_178140]
A_23_P257649	0,33	0,00001	0,37	0,00025	RBP1	NM_002899	Homo sapiens retinol binding protein 1, cellular (RBP1), mRNA [NM_002899]
A_23_P57784	0,33	0,00001	0,27	0,00001	CLDN1	NM_021101	Homo sapiens claudin 1 (CLDN1), mRNA [NM_021101]
A_23_P134162	0,33	0,00000	0,42	0,00000	DCDC2	NM_016356	Homo sapiens doublecortin domain containing 2 (DCDC2), mRNA [NM_016356]
A_23_P103486	0,34	0,00003	0,42	0,00008	CYP2J2	NM_000775	Homo sapiens cytochrome P450, family 2, subfamily J, polypeptide 2 (CYP2J2), mRNA [NM_000775]
A_23_P135271	0,34	0,00009	0,50	0,00339	B4GALT1	ENST00000379731	Beta-1,4-galactosyltransferase 1 (EC 2.4.1.-) (Beta-1,4-GalTase 1) (Beta4Gal-T1) (b4Gal-T1) (UDP-galactose:beta-N-acetylglucosamine beta-1,4-galactosyltransferase 1) (UDP-Gal:beta-GlcNAc beta-1,4- galactosyltransferase 1) [Includes: Lactose synthase...]
A_24_P328524	0,34	0,00001	0,49	0,00147	KALRN	NM_003947	Homo sapiens kalirin, RhoGEF kinase (KALRN), transcript variant 2, mRNA [NM_003947]
A_23_P107351	0,34	0,00001	0,37	0,00002	NLRP1	BC051787	Homo sapiens NLR family, pyrin domain containing 1, mRNA (cDNA clone MGC:57544 IMAGE:5756099), complete cds. [BC051787]
A_23_P10127	0,34	0,00068	0,32	0,00031	SFRP1	NM_003012	Homo sapiens secreted frizzled-related protein 1 (SFRP1), mRNA [NM_003012]
A_24_P168925	0,34	0,00066	0,50	0,00444	ENST00000372045	ENST00000372045	Chordin-like protein 1 precursor (Neuralin-1) (Ventropin) (Neurogenesin-1). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q9BU40] [ENST00000372045]
A_23_P42353	0,34	0,00003	0,43	0,00024	ETV7	NM_016135	Homo sapiens ets variant gene 7 (TEL2 oncogene) (ETV7), mRNA [NM_016135]
A_24_P321525	0,34	0,00000	0,40	0,00008	RERG	NM_032918	Homo sapiens RAS-like, estrogen-regulated, growth inhibitor (RERG), mRNA [NM_032918]
A_23_P395582	0,34	0,00000	0,50	0,00009	ZFP42	NM_174900	Homo sapiens zinc finger protein 42 homolog (mouse) (ZFP42), mRNA [NM_174900]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P166248	0,35	0,00018	0,29	0,00013	DSCR1	NM_004414	Homo sapiens Down syndrome critical region gene 1 (DSCR1), transcript variant 1, mRNA [NM_004414]
A_32_P141238	0,35	0,00000	0,42	0,00001	TMEM16B	NM_020373	Homo sapiens transmembrane protein 16B (TMEM16B), mRNA [NM_020373]
A_23_P215913	0,35	0,00004	0,43	0,00013	CLU	NM_203339	Homo sapiens clusterin (CLU), transcript variant 2, mRNA [NM_203339]
A_24_P206776	0,35	0,00006	0,42	0,00007	CRYAB	NM_001885	Homo sapiens crystallin, alpha B (CRYAB), mRNA [NM_001885]
A_23_P13713	0,36	0,00001	0,36	0,00009	PRPH	NM_006262	Homo sapiens peripherin (PRPH), mRNA [NM_006262]
A_23_P406385	0,36	0,00158	0,46	0,00304	FBXL16	NM_153350	Homo sapiens F-box and leucine-rich repeat protein 16 (FBXL16), mRNA [NM_153350]
A_23_P201156	0,36	0,00001	0,42	0,00012	CADM3	NM_021189	Homo sapiens cell adhesion molecule 3 (CADM3), mRNA [NM_021189]
A_24_P941773	0,36	0,00049	0,45	0,00094	METTL7A	NM_014033	Homo sapiens methyltransferase like 7A (METTL7A), mRNA [NM_014033]
A_32_P94	0,36	0,00000	0,43	0,00000	LHFPL4	NM_198560	Homo sapiens lipoma HMGIC fusion partner-like 4 (LHFPL4), mRNA [NM_198560]
A_24_P67395	0,37	0,00018	0,42	0,00005	KRT8	NM_002273	Homo sapiens keratin 8 (KRT8), mRNA [NM_002273]
A_23_P7727	0,37	0,00000	0,47	0,00000	HAPLN1	NM_001884	Homo sapiens hyaluronan and proteoglycan link protein 1 (HAPLN1), mRNA [NM_001884]
A_24_P105191	0,37	0,00010	0,39	0,00003	HS6ST2	NM_147175	Homo sapiens heparan sulfate 6-O-sulfotransferase 2 (HS6ST2), transcript variant S, mRNA [NM_147175]
A_23_P371835	0,37	0,00016	0,39	0,00041	GATA5	NM_080473	Homo sapiens GATA binding protein 5 (GATA5), mRNA [NM_080473]
A_23_P114423	0,37	0,00010	0,48	0,00021	RGN	NM_004683	Homo sapiens regucalcin (senescence marker protein-30) (RGN), transcript variant 1, mRNA [NM_004683]
A_23_P349966	0,37	0,00024	0,33	0,00000	TMEM130	NM_152913	Homo sapiens transmembrane protein 130 (TMEM130), mRNA [NM_152913]
A_23_P102117	0,37	0,00000	0,43	0,00001	WNT10A	NM_025216	Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 10A (WNT10A), mRNA [NM_025216]
A_24_P313397	0,37	0,00002	0,47	0,00002	ENST00000219169	ENST00000219169	Nuclear transport factor 2 (NTF-2) (Placental protein 15) (PP15). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P61970] [ENST00000219169]
A_24_P380196	0,38	0,00000	0,46	0,00003	CTNND2	NM_001332	Homo sapiens catenin (cadherin-associated protein), delta 2 (neural plakophilin-related arm-repeat protein) (CTNND2), mRNA [NM_001332]
A_23_P255331	0,38	0,00030	0,39	0,00002	OSAP	NM_032623	Homo sapiens ovary-specific acidic protein (OSAP), mRNA [NM_032623]
A_23_P144656	0,38	0,00011	0,35	0,00060	CDH10	NM_006727	Homo sapiens cadherin 10, type 2 (T2-cadherin) (CDH10), mRNA [NM_006727]
A_23_P17420	0,38	0,00000	0,43	0,00000	BCAS1	NM_003657	Homo sapiens breast carcinoma amplified sequence 1 (BCAS1), mRNA [NM_003657]
A_23_P399255	0,38	0,00003	0,33	0,00006	RNF182	NM_152737	Homo sapiens ring finger protein 182 (RNF182), mRNA [NM_152737]
A_23_P139527	0,39	0,00000	0,45	0,00001	HPD	NM_002150	Homo sapiens 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase (HPD), mRNA [NM_002150]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P118196	0,39	0,00014	0,36	0,00010	GLT8D4	NM_001080393	Homo sapiens similar to CG9996-PA (LOC727936), mRNA [NM_001080393]
A_23_P215900	0,39	0,00007	0,43	0,00008	SCARA3	NM_016240	Homo sapiens scavenger receptor class A, member 3 (SCARA3), transcript variant 1, mRNA [NM_016240]
A_23_P344125	0,39	0,00001	0,46	0,00001	THSD3	NM_199265	Homo sapiens thrombospondin, type I, domain containing 3 (THSD3), transcript variant 2, mRNA [NM_199265]
A_23_P10647	0,40	0,00296	0,40	0,00020	CYTL1	NM_018659	Homo sapiens cytokine-like 1 (CYTL1), mRNA [NM_018659]
A_23_P38271	0,40	0,00007	0,33	0,00000	MYH2	NM_017534	Homo sapiens myosin, heavy chain 2, skeletal muscle, adult (MYH2), mRNA [NM_017534]
A_23_P80040	0,40	0,00047	0,40	0,00005	PROCR	NM_006404	Homo sapiens protein C receptor, endothelial (EPCR) (PROCR), mRNA [NM_006404]
A_23_P32279	0,41	0,00019	0,24	0,00000	BARX1	NM_021570	Homo sapiens BarH-like homeobox 1 (BARX1), mRNA [NM_021570]
A_23_P154037	0,41	0,00046	0,47	0,00169	AOX1	NM_001159	Homo sapiens aldehyde oxidase 1 (AOX1), mRNA [NM_001159]
A_23_P124514	0,41	0,00000	0,49	0,00000	DLG2	NM_001364	Homo sapiens discs, large homolog 2, chapsyn-110 (Drosophila) (DLG2), mRNA [NM_001364]
A_23_P170037	0,41	0,00008	0,45	0,00002	MID1	NM_033290	Homo sapiens midline 1 (Opitz/BBB syndrome) (MID1), transcript variant 3, mRNA [NM_033290]
A_32_P140268	0,42	0,00001	0,49	0,00006	KCND3	ENST00000369697	Potassium voltage-gated channel subfamily D member 3 (Voltage-gated potassium channel subunit Kv4.3) [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q9UK17] [ENST00000369697]
A_23_P168532	0,42	0,00004	0,45	0,00003	FSCN1	NM_003088	Homo sapiens fascin homolog 1, actin-bundling protein (Strongylocentrotus purpuratus) (FSCN1), mRNA [NM_003088]
A_23_P256158	0,42	0,00006	0,49	0,00018	ADRA2C	NM_000683	Homo sapiens adrenergic, alpha-2C-, receptor (ADRA2C), mRNA [NM_000683]
A_23_P421401	0,42	0,00289	0,44	0,00108	PDGFRB	NM_002609	Homo sapiens platelet-derived growth factor receptor, beta polypeptide (PDGFRB), mRNA [NM_002609]
A_23_P60146	0,43	0,00003	0,48	0,00231	PDGFRL	NM_006207	Homo sapiens platelet-derived growth factor receptor-like (PDGFRL), mRNA [NM_006207]
A_23_P126825	0,43	0,00006	0,41	0,00029	SLC16A1	NM_003051	Homo sapiens solute carrier family 16, member 1 (monocarboxylic acid transporter 1) (SLC16A1), mRNA [NM_003051]
A_23_P500410	0,43	0,00000	0,40	0,00001	ATP6V1G2	NM_130463	Homo sapiens ATPase, H+ transporting, lysosomal 13kDa, V1 subunit G2 (ATP6V1G2), transcript variant 1, mRNA [NM_130463]
A_32_P107746	0,43	0,00001	0,50	0,00054	ENSA	NM_207042	Homo sapiens endosulfine alpha (ENSA), transcript variant 1, mRNA [NM_207042]
A_23_P254688	0,43	0,00000	0,47	0,00000	TMEM108	NM_023943	Homo sapiens transmembrane protein 108 (TMEM108), mRNA [NM_023943]
A_23_P92042	0,44	0,00014	0,41	0,00035	ITPR1	NM_002222	Homo sapiens inositol 1,4,5-trisphosphate receptor, type 1 (ITPR1), mRNA [NM_002222]
A_23_P370666	0,44	0,00001	0,45	0,00009	GLYATL1	NM_080661	Homo sapiens glycine-N-acyltransferase-like 1 (GLYATL1), mRNA [NM_080661]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide	FDR	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P317762	0,44	0,00002	0,49	0,00012	LY6E	NM_002346	Homo sapiens lymphocyte antigen 6 complex, locus E (LY6E), mRNA [NM_002346]
A_23_P204947	0,44	0,00024	0,50	0,00009	GJB2	NM_004004	Homo sapiens gap junction protein, beta 2, 26kDa (GJB2), mRNA [NM_004004]
A_24_P61537	0,45	0,00001	0,49	0,00308	CKB	NM_001823	Homo sapiens creatine kinase, brain (CKB), mRNA [NM_001823]
A_32_P226205	0,45	0,00018	0,48	0,00052	ZFXH2	AB051549	Homo sapiens mRNA for KIAA1762 protein, partial cds. [AB051549]
A_23_P139912	0,45	0,00025	0,34	0,00004	IGFBP6	NM_002178	Homo sapiens insulin-like growth factor binding protein 6 (IGFBP6), mRNA [NM_002178]
A_23_P339818	0,45	0,00044	0,30	0,00025	ARRDC4	NM_183376	Homo sapiens arrestin domain containing 4 (ARRDC4), mRNA [NM_183376]
A_23_P201319	0,46	0,00025	0,49	0,00013	DISP1	NM_032890	Homo sapiens dispatched homolog 1 (Drosophila) (DISP1), mRNA [NM_032890]
A_23_P127911	0,46	0,00231	0,43	0,00055	DKFZP586H2123	NM_015430	Homo sapiens regeneration associated muscle protease (DKFZP586H2123), transcript variant 1, mRNA [NM_015430]
A_23_P325690	0,46	0,00452	0,46	0,00043	ANKRD35	NM_144698	Homo sapiens ankyrin repeat domain 35 (ANKRD35), mRNA [NM_144698]
A_23_P212119	0,47	0,00073	0,35	0,00000	GALNTL2	NM_054110	Homo sapiens UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase like 2 (GALNTL2), mRNA [NM_054110]
A_23_P419714	0,47	0,00853	0,50	0,00415	BTBD11	NM_152322	Homo sapiens BTB (POZ) domain containing 11 (BTBD11), transcript variant 1, mRNA [NM_152322]
A_23_P35617	0,47	0,00570	0,45	0,00135	PLCE1	NM_016341	Homo sapiens phospholipase C, epsilon 1 (PLCE1), mRNA [NM_016341]
A_24_P383609	0,48	0,00000	0,48	0,00215	NANOS1	NM_199461	Homo sapiens nanos homolog 1 (Drosophila) (NANOS1), transcript variant 1, mRNA [NM_199461]
A_23_P63343	0,48	0,00000	0,48	0,00000	UTS2	NM_021995	Homo sapiens uterine 2 (UTS2), transcript variant 1, mRNA [NM_021995]
A_24_P182858	0,48	0,00008	0,50	0,00024	LBH	NM_030915	Homo sapiens limb bud and heart development homolog (mouse) (LBH), mRNA [NM_030915]
A_23_P38959	0,48	0,00001	0,48	0,00004	VAV1	NM_005428	Homo sapiens vav 1 oncogene (VAV1), mRNA [NM_005428]
A_23_P12643	0,48	0,00539	0,35	0,00001	AS3MT	NM_020682	Homo sapiens arsenic (+3 oxidation state) methyltransferase (AS3MT), mRNA [NM_020682]
A_24_P360674	0,49	0,00420	0,46	0,00083	CDKN2B	NM_078487	Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 2B (p15, inhibits CDK4) (CDKN2B), transcript variant 2, mRNA [NM_078487]
A_23_P201940	0,49	0,00059	0,37	0,00070	LMOD1	NM_012134	Homo sapiens leiomodin 1 (smooth muscle) (LMOD1), mRNA [NM_012134]
A_23_P48513	0,49	0,00061	0,39	0,00014	IFI27	NM_005532	Homo sapiens interferon, alpha-inducible protein 27 (IFI27), mRNA [NM_005532]
A_23_P206280	0,49	0,00056	0,30	0,00012	GPR56	NM_201525	Homo sapiens G protein-coupled receptor 56 (GPR56), transcript variant 3, mRNA [NM_201525]
A_23_P61524	0,49	0,00478	0,39	0,00081	CCDC71	NM_022903	Homo sapiens coiled-coil domain containing 71 (CCDC71), mRNA [NM_022903]
A_23_P27013	0,50	0,00448	0,45	0,00225	HOXB9	NM_024017	Homo sapiens homeobox B9 (HOXB9), mRNA [NM_024017]

GENES REPRIMIDOS EN EL FENOTIPO EPITELIOIDE

Nombre de la Sonda	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P59738	0,07	0,00000	MYL7	NM_021223	Homo sapiens myosin, light chain 7, regulatory (MYL7), mRNA [NM_021223]
A_23_P39056	0,09	0,00003	KLK7	NM_005046	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 7 (KLK7), transcript variant 1, mRNA [NM_005046]
A_23_P65618	0,09	0,00012	TGM1	NM_000359	Homo sapiens transglutaminase 1 (K polyepitide epidermal type I, protein-glutamine-gamma-glutamyltransferase) (TGM1), mRNA [NM_000359]
A_23_P60742	0,11	0,00000	MYL6F	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYL6F), mRNA [NM_013292]
A_23_P203191	0,11	0,00000	APOA1	NM_000039	Homo sapiens apolipoprotein A-I (APOA1), mRNA [NM_000039]
A_23_P146946	0,11	0,00001	CST6	NM_001323	Homo sapiens cystatin E/M (CST6), mRNA [NM_001323]
A_23_P215060	0,11	0,00059	PODXL	NM_005397	Homo sapiens podocalyxin-like (PODXL), transcript variant 2, mRNA [NM_005397]
A_23_P416774	0,12	0,00005	CLIC5	NM_016929	Homo sapiens chloride intracellular channel 5 (CLIC5), mRNA [NM_016929]
A_23_P210001	0,12	0,00000	PAX8	NM_003466	Homo sapiens paired box gene 8 (PAX8), transcript variant PAX8A, mRNA [NM_003466]
A_23_P153571	0,12	0,00009	IGFL2	NM_001002915	Homo sapiens IG-like family member 2 (IGFL2), mRNA [NM_001002915]
A_23_P97700	0,13	0,00093	TXNIP	NM_006472	Homo sapiens thioredoxin interacting protein (TXNIP), mRNA [NM_006472]
A_24_P52597	0,14	0,00000	CYP17A1	NM_000102	Homo sapiens cytochrome P450, family 17, subfamily A, polypeptide 1 (CYP17A1), mRNA [NM_000102]
A_23_P153480	0,15	0,00002	KLK5	NM_012427	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 5 (KLK5), transcript variant 1, mRNA [NM_012427]
A_32_P107617	0,15	0,00083	SFTPD	NM_003019	Homo sapiens surfactant, pulmonary-associated protein D (SFTPD), mRNA [NM_003019]
A_23_P26865	0,15	0,00008	MYH3	NM_002470	Homo sapiens myosin, heavy chain 3, skeletal muscle, embryonic (MYH3), mRNA [NM_002470]
A_23_P91230	0,16	0,00001	SLPI	NM_003064	Homo sapiens secretory leukocyte peptidase inhibitor (SLPI), mRNA [NM_003064]
A_23_P60130	0,16	0,00001	MAL2	NM_052886	Homo sapiens mal, T-cell differentiation protein 2 (MAL2), mRNA [NM_052886]
A_23_P252432	0,16	0,00000	TM4SF4	NM_004617	Homo sapiens transmembrane 4 L six family member 4 (TM4SF4), mRNA [NM_004617]
A_23_P167129	0,17	0,00012	HHIP	NM_022475	Homo sapiens hedgehog interacting protein (HHIP), mRNA [NM_022475]
A_23_P161280	0,18	0,00000	SPOCK2	NM_014767	Homo sapiens sparc/osteonectin, cwcv and kazal-like domains proteoglycan (testican) 2 (SPOCK2), mRNA [NM_014767]
A_23_P399078	0,19	0,00050	TIMP3	NM_000362	Homo sapiens TIMP metalloproteinase inhibitor 3 (Sorsby fundus dystrophy, pseudoinflammatory) (TIMP3), mRNA [NM_000362]
A_23_P369343	0,19	0,00008	KLK8	NM_144505	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 8 (KLK8), transcript variant 2, mRNA [NM_144505]
A_23_P138706	0,20	0,00003	ADRA2A	NM_000681	Homo sapiens adrenergic, alpha-2A-, receptor (ADRA2A), mRNA [NM_000681]
A_23_P112289	0,21	0,00000	TMOD1	NM_003275	Homo sapiens tropomodulin 1 (TMOD1), mRNA [NM_003275]
A_23_P44674	0,21	0,00019	CRIP1	NM_001311	Homo sapiens cysteine-rich protein 1 (intestinal) (CRIP1), mRNA [NM_001311]
A_23_P113793	0,21	0,00020	ZBED2	NM_024508	Homo sapiens zinc finger, BED-type containing 2 (ZBED2), mRNA [NM_024508]
A_23_P208779	0,22	0,00235	EPS8L1	NM_133180	Homo sapiens EPS8-like 1 (EPS8L1), transcript variant 1, mRNA [NM_133180]
A_23_P33312	0,22	0,00009	ISLR	NM_005545	Homo sapiens immunoglobulin superfamily containing leucine-rich repeat (ISLR), transcript variant 1, mRNA [NM_005545]
A_24_P555066	0,22	0,00010	SMTNL2	NM_198501	Homo sapiens smoothelin-like 2 (SMTNL2), mRNA [NM_198501]
A_23_P5200	0,23	0,00004	NPHS1	NM_004646	Homo sapiens nephrosis 1, congenital, Finnish type (nephrin) (NPHS1), mRNA [NM_004646]
A_23_P206760	0,24	0,00018	HP	NM_005143	Homo sapiens haptoglobin (HP), mRNA [NM_005143]
A_23_P78099	0,24	0,00006	VTN	NM_000638	Homo sapiens vitronectin (VTN), mRNA [NM_000638]
A_23_P32279	0,24	0,00000	BARX1	NM_021570	Homo sapiens BarH-like homeobox 1 (BARX1), mRNA [NM_021570]
A_24_P200219	0,24	0,00002	UPK1B	NM_006952	Homo sapiens uroplakin 1B (UPK1B), mRNA [NM_006952]
A_23_P208482	0,25	0,00002	CLEC4M	NM_214677	Homo sapiens C-type lectin domain family 4, member M (CLEC4M), transcript variant 4, mRNA [NM_214677]
A_23_P36531	0,26	0,00204	TSPAN8	NM_004616	Homo sapiens tetraspanin 8 (TSPAN8), mRNA [NM_004616]
A_23_P114862	0,26	0,00021	ANGPTL7	NM_021146	Homo sapiens angiotensin-like 7 (ANGPTL7), mRNA [NM_021146]
A_23_P12082	0,27	0,00000	CHI3L2	NM_004000	Homo sapiens chitinase 3-like 2 (CHI3L2), transcript variant 1, mRNA [NM_004000]

Nombre de la Sonda	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P31627	0,27	0,00027	KCNB1	NM_004975	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, Shab-related subfamily, member 1 (KCNB1), mRNA [NM_004975]
A_23_P57784	0,27	0,00001	CLDN1	NM_021101	Homo sapiens claudin 1 (CLDN1), mRNA [NM_021101]
A_23_P304921	0,27	0,00044	NOX1	NM_013955	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1Lv, mRNA [NM_013955]
A_23_P415706	0,28	0,00014	ENST00000376682	ENST00000376682	Probable G-protein coupled receptor 133 precursor (G-protein coupled receptor PGR25), [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q6QNK2] [ENST00000376682]
A_23_P421493	0,28	0,00009	HPR	NM_020995	Homo sapiens haptoglobin-related protein (HPR), mRNA [NM_020995]
A_23_P87700	0,28	0,00083	MFAP5	NM_003480	Homo sapiens microfibrillar-associated protein 5 (MFAP5), mRNA [NM_003480]
A_23_P18078	0,29	0,00012	RARRES1	NM_002888	Homo sapiens retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 1 (RARRES1), transcript variant 2, mRNA [NM_002888]
A_23_P166248	0,29	0,00013	DSCR1	NM_004414	Homo sapiens Down syndrome critical region gene 1 (DSCR1), transcript variant 1, mRNA [NM_004414]
A_23_P62752	0,30	0,00215	NPPB	NM_002521	Homo sapiens natriuretic peptide precursor B (NPPB), mRNA [NM_002521]
A_23_P371107	0,30	0,00000	D4S234E	NM_014392	Homo sapiens DNA segment on chromosome 4 (unique) 234 expressed sequence (D4S234E), transcript variant 1, mRNA [NM_014392]
A_23_P91390	0,30	0,00718	THBD	NM_000361	Homo sapiens thrombomodulin (THBD), mRNA [NM_000361]
A_23_P344531	0,30	0,00020	SYNPO	ENST00000307662	Synaptopodin, [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q8N3V7] [ENST00000307662]
A_23_P339818	0,30	0,00025	ARRDC4	NM_183376	Homo sapiens arrestin domain containing 4 (ARRDC4), mRNA [NM_183376]
A_23_P206280	0,30	0,00012	GPR56	NM_201525	Homo sapiens G protein-coupled receptor 56 (GPR56), transcript variant 3, mRNA [NM_201525]
A_23_P19754	0,31	0,00031	CPA4	NM_016352	Homo sapiens carboxypeptidase A4 (CPA4), mRNA [NM_016352]
A_23_P73501	0,31	0,00031	SPANXD	NM_032417	Homo sapiens SPANX family, member D (SPANXD), mRNA [NM_032417]
A_23_P25030	0,31	0,00102	HSD17B6	NM_003725	Homo sapiens hydroxysteroid (17-beta) dehydrogenase 6 homolog (mouse) (HSD17B6), mRNA [NM_003725]
A_23_P217280	0,31	0,00036	NOX1	NM_007052	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1L, mRNA [NM_007052]
A_23_P250212	0,31	0,00010	DKFZp761P0423	ENST00000330777	Tyrosine-protein kinase Sgk223 (EC 2.7.10.2) (Sugen kinase 223), [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q86YV5] [ENST00000330777]
A_23_P167983	0,31	0,00008	HIST1H2AC	ENST00000314088	Histone H2A type 1-C, [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q93077] [ENST00000314088]
A_23_P114185	0,31	0,00005	TSPAN7	NM_004615	Homo sapiens tetraspanin 7 (TSPAN7), mRNA [NM_004615]
A_32_P141418	0,31	0,00000	ARMC4	NM_018076	Homo sapiens armadillo repeat containing 4 (ARMC4), mRNA [NM_018076]
A_23_P56197	0,31	0,00885	CRLF1	NM_004750	Homo sapiens cytokine receptor-like factor 1 (CRLF1), mRNA [NM_004750]
A_23_P217570	0,31	0,00064	CAPN6	NM_014289	Homo sapiens calpain 6 (CAPN6), mRNA [NM_014289]
A_23_P213745	0,31	0,00031	CXCL14	NM_004887	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 14 (CXCL14), mRNA [NM_004887]
A_32_P231617	0,32	0,00062	TM4SF1	NM_014220	Homo sapiens transmembrane 4 L six family member 1 (TM4SF1), mRNA [NM_014220]
A_23_P83388	0,32	0,00003	EPPK1	NM_031308	Homo sapiens epiplakin 1 (EPPK1), mRNA [NM_031308]
A_23_P171074	0,32	0,00100	ITM2A	NM_004867	Homo sapiens integral membrane protein 2A (ITM2A), mRNA [NM_004867]
A_23_P201790	0,32	0,00040	PPP1R12B	NM_032105	Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 12B (PPP1R12B), transcript variant 2, mRNA [NM_032105]
A_23_P10127	0,32	0,00031	SFRP1	NM_003012	Homo sapiens secreted frizzled-related protein 1 (SFRP1), mRNA [NM_003012]
A_23_P105803	0,32	0,00148	FGF9	NM_002010	Homo sapiens fibroblast growth factor 9 (glia-activating factor) (FGF9), mRNA [NM_002010]
A_24_P305784	0,33	0,00095	SPANXB2	NM_145664	Homo sapiens SPANX family, member B2 (SPANXB2), mRNA [NM_145664]
A_23_P120667	0,33	0,00000	JAM2	NM_021219	Homo sapiens junctional adhesion molecule 2 (JAM2), mRNA [NM_021219]
A_23_P399255	0,33	0,00006	RNF182	NM_152737	Homo sapiens ring finger protein 182 (RNF182), mRNA [NM_152737]
A_23_P38271	0,33	0,00000	MYH2	NM_017534	Homo sapiens myosin, heavy chain 2, skeletal muscle adult (MYH2), mRNA [NM_017534]
A_23_P349966	0,33	0,00000	TMEM130	NM_152913	Homo sapiens transmembrane protein 130 (TMEM130), mRNA [NM_152913]
A_23_P125233	0,34	0,00047	CNN1	NM_001299	Homo sapiens calponin 1, basic, smooth muscle (CNN1), mRNA [NM_001299]
A_23_P382607	0,34	0,00048	WNT4	NM_030761	Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 4 (WNT4), mRNA [NM_030761]
A_24_P293698	0,34	0,00016	RSPO1	NM_001038633	Homo sapiens R-spondin homolog (Xenopus laevis) (RSPO1), mRNA [NM_001038633]

Nombre de la Sonda	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P104798	0,34	0,00007	IL18	NM_001562	Homo sapiens interleukin 18 (interferon-gamma-inducing factor) (IL18), mRNA [NM_001562]
A_23_P64879	0,34	0,00020	KCNJ8	NM_004982	Homo sapiens potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 8 (KCNJ8), mRNA [NM_004982]
A_23_P139864	0,34	0,00000	GSG1	NM_031289	Homo sapiens germ cell associated 1 (GSG1), transcript variant 1, mRNA [NM_031289]
A_23_P139912	0,34	0,00004	IGFBP6	NM_002178	Homo sapiens insulin-like growth factor binding protein 6 (IGFBP6), mRNA [NM_002178]
A_23_P12643	0,35	0,00001	AS3MT	NM_020682	Homo sapiens arsenic (+3 oxidation state) methyltransferase (AS3MT), mRNA [NM_020682]
A_23_P316410	0,35	0,00171	NOX1	NM_013954	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1S, mRNA [NM_013954]
A_24_P150023	0,35	0,00001	KCNA4	NM_002233	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, member 4 (KCNA4), mRNA [NM_002233]
A_23_P144656	0,35	0,00060	CDH10	NM_006727	Homo sapiens cadherin 10, type 2 (T2-cadherin) (CDH10), mRNA [NM_006727]
A_23_P34031	0,35	0,00002	XAGE2	NM_130777	Homo sapiens X antigen family, member 2 (XAGE2), mRNA [NM_130777]
A_24_P45728	0,35	0,00046	CGN	NM_020770	Homo sapiens cingulin (CGN), mRNA [NM_020770]
A_23_P212119	0,35	0,00000	GALNTL2	NM_054110	Homo sapiens UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase-like 2 (GALNTL2), mRNA [NM_054110]
A_24_P118196	0,36	0,00010	GLT8D4	NM_001080393	Homo sapiens similar to CG9996-PA (LOC727936), mRNA [NM_001080393]
A_23_P13713	0,36	0,00009	PRPH	NM_006262	Homo sapiens peripherin (PRPH), mRNA [NM_006262]
A_23_P87346	0,36	0,00024	HBD	NM_000519	Homo sapiens hemoglobin, delta (HBD), mRNA [NM_000519]
A_23_P218675	0,36	0,00048	WFDC2	NM_080734	Homo sapiens WAP four-disulfide core domain 2 (WFDC2), transcript variant 4, mRNA [NM_080734]
A_23_P40415	0,36	0,00045	ADAMTS5	NM_007038	Homo sapiens ADAM metalloproteinase with thrombospondin type 1 motif, 5 (aggrecanase-2) (ADAMTS5), mRNA [NM_007038]
A_23_P255444	0,36	0,00000	DAPP1	NM_014395	Homo sapiens dual adaptor of phosphotyrosine and 3-phosphoinositides (DAPP1), mRNA [NM_014395]
A_23_P149121	0,37	0,00070	DIRAS3	NM_004675	Homo sapiens DIRAS family, GTP-binding RAS-like 3 (DIRAS3), mRNA [NM_004675]
A_24_P941643	0,37	0,00027	PLCB1	NM_182734	Homo sapiens phospholipase C, beta 1 (phosphoinositide-specific) (PLCB1), transcript variant 2, mRNA [NM_182734]
A_23_P62999	0,37	0,00501	EXTL1	NM_004455	Homo sapiens exostoses (multiple)-like 1 (EXTL1), mRNA [NM_004455]
A_23_P201940	0,37	0,00070	LMOD1	NM_012134	Homo sapiens leiomodin 1 (smooth muscle) (LMOD1), mRNA [NM_012134]
A_23_P257649	0,37	0,00025	RBP1	NM_002899	Homo sapiens retinol binding protein 1, cellular (RBP1), mRNA [NM_002899]
A_23_P85783	0,37	0,00033	PHGDH	NM_006623	Homo sapiens phosphoglycerate dehydrogenase (PHGDH), mRNA [NM_006623]
A_23_P107351	0,37	0,00002	NLRP1	BC051787	Homo sapiens NLR family, pyrin domain containing 1, mRNA (cDNA clone MGC:57544 IMAGE:5756099), complete cds. [BC051787]
A_23_P500886	0,38	0,00019	CLDN15	NM_014343	Homo sapiens claudin 15 (CLDN15), transcript variant 1, mRNA [NM_014343]
A_23_P11843	0,38	0,00017	LRRN2	NM_201630	Homo sapiens leucine rich repeat neuronal 2 (LRRN2), transcript variant 2, mRNA [NM_201630]
A_23_P55256	0,38	0,00113	ZNF652	NM_014897	Homo sapiens zinc finger protein 652 (ZNF652), mRNA [NM_014897]
A_23_P9822	0,38	0,00020	ITIH3	NM_002217	Homo sapiens inter-alpha (globulin) inhibitor H3 (ITIH3), mRNA [NM_002217]
A_23_P48988	0,38	0,00022	SH3GL3	NM_003027	Homo sapiens SH3-domain GRB2-like 3 (SH3GL3), mRNA [NM_003027]
A_23_P67847	0,38	0,00110	GALNT14	NM_024572	Homo sapiens UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase 14 (GalNAc-T14) (GALNT14), mRNA [NM_024572]
A_24_P267293	0,39	0,00036	SARM1	NM_015077	Homo sapiens sterile alpha and TIR motif containing 1 (SARM1), mRNA [NM_015077]
A_23_P61524	0,39	0,00081	CCDC71	NM_022903	Homo sapiens coiled-coil domain containing 71 (CCDC71), mRNA [NM_022903]
A_23_P83134	0,39	0,00028	GAS1	NM_002048	Homo sapiens growth arrest-specific 1 (GAS1), mRNA [NM_002048]
A_23_P48513	0,39	0,00014	IFI27	NM_005532	Homo sapiens interferon, alpha-inducible protein 27 (IFI27), mRNA [NM_005532]
A_23_P253911	0,39	0,00016	CHRNA3	NM_000743	Homo sapiens cholinergic receptor, nicotinic, alpha 3 (CHRNA3), mRNA [NM_000743]
A_23_P394304	0,39	0,00085	PDZK1IP1	NM_005764	Homo sapiens PDZK1 interacting protein 1 (PDZK1IP1), mRNA [NM_005764]
A_24_P105191	0,39	0,00003	HS6ST2	NM_147175	Homo sapiens heparan sulfate 6-O-sulfotransferase 2 (HS6ST2), transcript variant S, mRNA [NM_147175]
A_23_P371835	0,39	0,00041	GATA5	NM_080473	Homo sapiens GATA binding protein 5 (GATA5), mRNA [NM_080473]

Nombre de la Sonda	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P345183	0,39	0,00000	NMNAT2	NM_015039	Homo sapiens nicotinamide nucleotide adenylyltransferase 2 (NMNAT2), transcript variant 1, mRNA [NM_015039]
A_23_P255331	0,39	0,00002	OSAP	NM_032623	Homo sapiens ovary-specific acidic protein (OSAP), mRNA [NM_032623]
A_23_P157404	0,39	0,00002	API1S1	NM_057089	Homo sapiens adaptor-related protein complex 1, sigma 1 subunit (API1S1), transcript variant 2, mRNA [NM_057089]
A_24_P63950	0,39	0,00003	API1S1	NM_001283	Homo sapiens adaptor-related protein complex 1, sigma 1 subunit (API1S1), transcript variant 1, mRNA [NM_001283]
A_23_P206359	0,39	0,00394	CDH1	NM_004360	Homo sapiens cadherin 1, type 1, E-cadherin (epithelial) (CDH1), mRNA [NM_004360]
A_23_P210100	0,39	0,00001	CYP26B1	NM_019885	Homo sapiens cytochrome P450, family 26, subfamily B, polypeptide 1 (CYP26B1), mRNA [NM_019885]
A_23_P160881	0,40	0,00013	SMPDL3B	NM_001009568	Homo sapiens sphingomyelin phosphodiesterase, acid-like 3B (SMPDL3B), transcript variant 2, mRNA [NM_001009568]
A_24_P215882	0,40	0,00002	ARHGDIG	NM_001176	Homo sapiens Rho GDP dissociation inhibitor (GDI) gamma (ARHGDIG), mRNA [NM_001176]
A_23_P211899	0,40	0,00001	THC2522889	THC2522889	GPR27_HUMAN (Q9NS67) Probable G-protein coupled receptor 27 (Super conserved receptor expressed in brain 1), complete [THC2522889]
A_23_P82868	0,40	0,00488	PLAT	NM_000930	Homo sapiens plasminogen activator, tissue (PLAT), transcript variant 1, mRNA [NM_000930]
A_23_P42909	0,40	0,00012	TMEM139	NM_153345	Homo sapiens transmembrane protein 139 (TMEM139), mRNA [NM_153345]
A_24_P321525	0,40	0,00008	REERG	NM_032918	Homo sapiens RAS-like, estrogen-regulated, growth inhibitor (REERG), mRNA [NM_032918]
A_23_P137984	0,40	0,00001	S100A10	NM_002966	Homo sapiens S100 calcium binding protein A10 (S100A10), mRNA [NM_002966]
A_23_P10647	0,40	0,00020	CYTL1	NM_018659	Homo sapiens cytochrome-like 1 (CYTL1), mRNA [NM_018659]
A_23_P500410	0,40	0,00001	ATP6V1G2	NM_130463	Homo sapiens ATPase, H+ transporting, lysosomal 13kDa, V1 subunit G2 (ATP6V1G2), transcript variant 1, mRNA [NM_130463]
A_23_P80040	0,40	0,00005	PROCR	NM_006404	Homo sapiens protein C receptor, endothelial (EPCR) (PROCR), mRNA [NM_006404]
A_24_P105794	0,40	0,00003	RPL31	BC070210	Homo sapiens ribosomal protein L31, mRNA (cDNA clone MGC:88191 IMAGE:4714258), complete cds. [BC070210]
A_23_P126825	0,41	0,00029	SLC16A1	NM_003051	Homo sapiens solute carrier family 16, member 1 (monocarboxylic acid transporter 1) (SLC16A1), mRNA [NM_003051]
A_23_P92042	0,41	0,00035	ITPR1	NM_002222	Homo sapiens inositol 1,4,5-trisphosphate receptor, type 1 (ITPR1), mRNA [NM_002222]
A_23_P120902	0,41	0,00045	LGALS2	NM_006498	Homo sapiens lectin, galactoside-binding, soluble, 2 (LGALS2), mRNA [NM_006498]
A_24_P278747	0,41	0,00002	CCND2	NM_001759	Homo sapiens cyclin D2 (CCND2), mRNA [NM_001759]
A_23_P256033	0,41	0,00002	EEF1A2	NM_001958	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 2 (EEF1A2), mRNA [NM_001958]
A_23_P216966	0,41	0,00078	PTGS1	NM_000962	Homo sapiens prostaglandin-endoperoxide synthase 1 (prostaglandin G/H synthase and cyclooxygenase) (PTGS1), transcript variant 1, mRNA [NM_000962]
A_24_P12573	0,41	0,00008	CCL26	NM_006072	Homo sapiens chemokine (C-C motif) ligand 26 (CCL26), mRNA [NM_006072]
A_23_P120863	0,42	0,00048	GAL3ST1	NM_004861	Homo sapiens galactose-3-O-sulfotransferase 1 (GAL3ST1), mRNA [NM_004861]
A_23_P144911	0,42	0,00043	EGFLAM	NM_152403	Homo sapiens EGF-like, fibronectin type III and laminin G domains (EGFLAM), transcript variant 1, mRNA [NM_152403]
A_23_P134162	0,42	0,00000	DCDC2	NM_016356	Homo sapiens doublecortin domain containing 2 (DCDC2), mRNA [NM_016356]
A_23_P103486	0,42	0,00008	CYP2J2	NM_000775	Homo sapiens cytochrome P450, family 2, subfamily J, polypeptide 2 (CYP2J2), mRNA [NM_000775]
A_32_P141238	0,42	0,00001	TMEM16B	NM_020373	Homo sapiens transmembrane protein 16B (TMEM16B), mRNA [NM_020373]
A_23_P85015	0,42	0,00097	MAOB	NM_000898	Homo sapiens monoamine oxidase B (MAOB), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_000898]
A_24_P67395	0,42	0,00005	KRT8	NM_002273	Homo sapiens keratin 8 (KRT8), mRNA [NM_002273]
A_23_P201156	0,42	0,00012	CADM3	NM_021189	Homo sapiens cell adhesion molecule 3 (CADM3), mRNA [NM_021189]
A_24_P14464	0,42	0,00021	WFDC2	NM_080736	Homo sapiens WAP four-disulfide core domain 2 (WFDC2), transcript variant 2, mRNA [NM_080736]

Nombre de la Sonda	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P500614	0,42	0,00033	TNFRSF8	NM_001243	Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 8 (TNFRSF8), transcript variant 1, mRNA [NM_001243]
A_23_P155755	0,42	0,00608	CXCL6	NM_002993	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 6 (granulocyte chemotactic protein 2) (CXCL6), mRNA [NM_002993]
A_24_P206776	0,42	0,00007	CRYAB	NM_001885	Homo sapiens crystallin, alpha B (CRYAB), mRNA [NM_001885]
A_23_P7642	0,43	0,00207	SPARC	NM_003118	Homo sapiens secreted protein, acidic, cysteine-rich (osteonectin) (SPARC), mRNA [NM_003118]
A_23_P394246	0,43	0,00025	GPR81	ENST00000356987	Probable G-protein coupled receptor 81 (G-protein coupled receptor 104), [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q9BXC0] [ENST00000356987]
A_23_P85250	0,43	0,00010	CD24	L33930	Homo sapiens CD24 signal transducer mRNA, complete cds and 3' region. [L33930]
A_23_P325642	0,43	0,00049	PDIA2	NM_006849	Homo sapiens protein disulfide isomerase family A, member 2 (PDIA2), mRNA [NM_006849]
A_23_P214627	0,43	0,00056	AIF1	NM_004847	Homo sapiens allograft inflammatory factor 1 (AIF1), transcript variant 2, mRNA [NM_004847]
A_23_P107911	0,43	0,00066	KLK10	NM_002776	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 10 (KLK10), transcript variant 1, mRNA [NM_002776]
A_23_P102117	0,43	0,00001	WNT10A	NM_025216	Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 10A (WNT10A), mRNA [NM_025216]
A_32_P94	0,43	0,00000	LHFPL4	NM_198560	Homo sapiens lipoma HMGIC fusion partner-like 4 (LHFPL4), mRNA [NM_198560]
A_23_P215900	0,43	0,00008	SCARA3	NM_016240	Homo sapiens scavenger receptor class A, member 3 (SCARA3), transcript variant 1, mRNA [NM_016240]
A_24_P532232	0,43	0,00002	CREB5	NM_182898	Homo sapiens cAMP responsive element binding protein 5 (CREB5), transcript variant 1, mRNA [NM_182898]
A_23_P215913	0,43	0,00013	CLU	NM_203339	Homo sapiens clusterin (CLU), transcript variant 2, mRNA [NM_203339]
A_23_P127911	0,43	0,00055	DKFZP586H2123	NM_015430	Homo sapiens regeneration associated muscle protease (DKFZP586H2123), transcript variant 1, mRNA [NM_015430]
A_23_P80162	0,43	0,00186	TMPRSS3	NM_032405	Homo sapiens transmembrane protease, serine 3 (TMPRSS3), transcript variant D, mRNA [NM_032405]
A_23_P42353	0,43	0,00024	ETV7	NM_016135	Homo sapiens ets variant gene 7 (TEL2 oncogene) (ETV7), mRNA [NM_016135]
A_23_P17420	0,43	0,00000	BCAS1	NM_003657	Homo sapiens breast carcinoma amplified sequence 1 (BCAS1), mRNA [NM_003657]
A_23_P43490	0,44	0,00689	CDKN2A	NM_058197	Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 2A (melanoma, p16, inhibits CDK4) (CDKN2A), transcript variant 3, mRNA [NM_058197]
A_23_P120794	0,44	0,00038	SLC7A4	NM_004173	Homo sapiens solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 4 (SLC7A4), mRNA [NM_004173]
A_23_P421401	0,44	0,00108	PDGFRB	NM_002609	Homo sapiens platelet-derived growth factor receptor, beta polypeptide (PDGFRB), mRNA [NM_002609]
A_23_P396135	0,44	0,00000	NKX2-5	NM_004387	Homo sapiens NK2 transcription factor related, locus 5 (Drosophila) (NKX2-5), mRNA [NM_004387]
A_24_P659113	0,44	0,00083	CCNYL1	NM_152523	Homo sapiens cyclin Y-like 1 (CCNYL1), mRNA [NM_152523]
A_23_P11644	0,44	0,00109	SPRR2D	NM_006945	Homo sapiens small proline-rich protein 2D (SPRR2D), mRNA [NM_006945]
A_23_P406341	0,44	0,00000	AFAP1L2	NM_001001936	Homo sapiens actin filament associated protein 1-like 2 (AFAP1L2), transcript variant 1, mRNA [NM_001001936]
A_23_P5778	0,44	0,00004	RAB17	NM_022449	Homo sapiens RAB17, member RAS oncogene family (RAB17), mRNA [NM_022449]
A_23_P215566	0,44	0,00001	AHR	NM_001621	Homo sapiens aryl hydrocarbon receptor (AHR), mRNA [NM_001621]
A_23_P96285	0,44	0,00043	REEP1	NM_022912	Homo sapiens receptor accessory protein 1 (REEP1), mRNA [NM_022912]
A_23_P212696	0,44	0,00042	FSTL1	NM_007085	Homo sapiens follistatin-like 1 (FSTL1), mRNA [NM_007085]
A_23_P157793	0,44	0,00612	CA9	NM_001216	Homo sapiens carbonic anhydrase IX (CA9), mRNA [NM_001216]
A_23_P5211	0,45	0,00180	MUC16	NM_024690	Homo sapiens mucin 16, cell surface associated (MUC16), mRNA [NM_024690]
A_23_P350574	0,45	0,00002	FCRLB	NM_001002901	Homo sapiens Fc receptor-like B (FCRLB), mRNA [NM_001002901]
A_23_P370666	0,45	0,00009	GLYT1L1	NM_080661	Homo sapiens glycine-N-acetyltransferase-like 1 (GLYT1L1), mRNA [NM_080661]
A_23_P168532	0,45	0,00003	FSCN1	NM_003088	Homo sapiens fascin homolog 1, actin-bundling protein (Strongylocentrotus purpuratus) (FSCN1), mRNA [NM_003088]

Nombre de la Sonda	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P170037	0,45	0,00002	MID1	NM_033290	Homo sapiens midline 1 (Opitz/BBB syndrome) (MID1), transcript variant 3, mRNA [NM_033290]
A_23_P217379	0,45	0,00826	COL4A6	NM_033641	Homo sapiens collagen, type IV, alpha 6 (COL4A6), transcript variant B, mRNA [NM_033641]
A_23_P101407	0,45	0,00283	C3	NM_000064	Homo sapiens complement component 3 (C3), mRNA [NM_000064]
A_23_P335661	0,45	0,00014	SAMD4A	AB028976	Homo sapiens mRNA for KIAA1053 protein, partial cds. [AB028976]
A_23_P106362	0,45	0,00051	AQP9	NM_020980	Homo sapiens aquaporin 9 (AQP9), mRNA [NM_020980]
A_24_P941773	0,45	0,00094	METTL7A	NM_014033	Homo sapiens methyltransferase like 7A (METTL7A), mRNA [NM_014033]
A_23_P156687	0,45	0,00570	CFB	NM_001710	Homo sapiens complement factor B (CFB), mRNA [NM_001710]
A_23_P35617	0,45	0,00135	PLCE1	NM_016341	Homo sapiens phospholipase C, epsilon 1 (PLCE1), mRNA [NM_016341]
A_23_P19423	0,45	0,00165	KCNK5	NM_003740	Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 5 (KCNK5), mRNA [NM_003740]
A_23_P139527	0,45	0,00001	HPD	NM_002150	Homo sapiens 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase (HPD), mRNA [NM_002150]
A_23_P27013	0,45	0,00225	HOXB9	NM_024017	Homo sapiens homeobox B9 (HOXB9), mRNA [NM_024017]
A_23_P110531	0,46	0,00010	FST	NM_013409	Homo sapiens follistatin (FST), transcript variant FST344, mRNA [NM_013409]
A_23_P167159	0,46	0,00001	SCRG1	NM_007281	Homo sapiens scrapie responsive protein 1 (SCRG1), mRNA [NM_007281]
A_23_P214944	0,46	0,00000	ALDH8A1	NM_022568	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 8 family, member A1 (ALDH8A1), transcript variant 1, mRNA [NM_022568]
A_23_P257231	0,46	0,00002	AGXT2L1	NM_031279	Homo sapiens alanine-glyoxylate aminotransferase 2-like 1 (AGXT2L1), mRNA [NM_031279]
A_23_P51936	0,46	0,00006	TNFRSF9	NM_001561	Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 9 (TNFRSF9), mRNA [NM_001561]
A_24_P123385	0,46	0,00036	MAP1B	NM_005909	Homo sapiens microtubule-associated protein 1B (MAP1B), transcript variant 1, mRNA [NM_005909]
A_24_P360674	0,46	0,00083	CDKN2B	NM_078487	Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 2B (p15, inhibits CDK4) (CDKN2B), transcript variant 2, mRNA [NM_078487]
A_23_P325690	0,46	0,00043	ANKRD35	NM_144698	Homo sapiens ankyrin repeat domain 35 (ANKRD35), mRNA [NM_144698]
A_23_P122563	0,46	0,00220	PFDN6	NM_014260	Homo sapiens prefoldin subunit 6 (PFDN6), mRNA [NM_014260]
A_23_P167509	0,46	0,00003	CYFIP2	NM_001037332	Homo sapiens cytoplasmic FMR1 interacting protein 2 (CYFIP2), transcript variant 2, mRNA [NM_001037332]
A_23_P156970	0,46	0,00523	MEST	NM_002402	Homo sapiens mesoderm specific transcript homolog (mouse) (MEST), transcript variant 1, mRNA [NM_002402]
A_23_P56050	0,46	0,00017	TNNT1	BC107798	Homo sapiens troponin T type 1 (skeletal, slow), mRNA (cDNA clone MGC:104241 IMAGE:4247379), complete cds. [BC107798]
A_23_P131676	0,46	0,00503	CXCR7	NM_020311	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) receptor 7 (CXCR7), transcript variant 2, mRNA [NM_020311]
A_23_P138352	0,46	0,00230	WNT2B	NM_004185	Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 2B (WNT2B), transcript variant WNT-2B1, mRNA [NM_004185]
A_23_P425066	0,46	0,00191	CRYBB2	NM_000496	Homo sapiens crystallin, beta B2 (CRYBB2), mRNA [NM_000496]
A_23_P42897	0,46	0,00079	MGAM	NM_004668	Homo sapiens maltase-glucoamylase (alpha-glucosidase) (MGAM), mRNA [NM_004668]
A_23_P145238	0,46	0,00021	HIST1H2BK	NM_080593	Homo sapiens histone cluster 1, H2bk (HIST1H2BK), mRNA [NM_080593]
A_23_P371824	0,46	0,00007	TUFT1	NM_020127	Homo sapiens tuftsin 1 (TUFT1), mRNA [NM_020127]
A_24_P380196	0,46	0,00003	CTNND2	NM_001332	Homo sapiens catenin (cadherin-associated protein), delta 2 (neural plakophilin-related arm-repeat protein) (CTNND2), mRNA [NM_001332]
A_23_P406385	0,46	0,00304	FBXL16	NM_153350	Homo sapiens F-box and leucine-rich repeat protein 16 (FBXL16), mRNA [NM_153350]
A_23_P436281	0,46	0,00006	HIST2H4A	NM_003548	Homo sapiens histone cluster 2, H4a (HIST2H4A), mRNA [NM_003548]
A_23_P344125	0,46	0,00001	THSD3	NM_199265	Homo sapiens thrombospondin, type I, domain containing 3 (THSD3), transcript variant 2, mRNA [NM_199265]
A_32_P190303	0,47	0,00013	LONRF2	NM_198461	Homo sapiens LON peptidase N-terminal domain and ring finger 2 (LONRF2), mRNA [NM_198461]
A_23_P254688	0,47	0,00000	TMEM108	NM_023943	Homo sapiens transmembrane protein 108 (TMEM108), mRNA [NM_023943]

Nombre de la Sonda	Ratio Epitelioides	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P7727	0,47	0,00000	HAPLN1	NM_001884	Homo sapiens hyaluronan and proteoglycan link protein 1 (HAPLN1), mRNA [NM_001884]
A_23_P140434	0,47	0,00009	MYO5C	NM_018728	Homo sapiens myosin VC (MYO5C), mRNA [NM_018728]
A_23_P154037	0,47	0,00169	AOX1	NM_001159	Homo sapiens aldehyde oxidase 1 (AOX1), mRNA [NM_001159]
A_23_P101505	0,47	0,00123	KLK11	NM_144947	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 11 (KLK11), transcript variant 2, mRNA [NM_144947]
A_24_P313397	0,47	0,00002	ENST00000219169	ENST00000219169	Nuclear transport factor 2 (NTF-2) (Placental protein 15) (PP15). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P61970] [ENST00000219169]
A_23_P138105	0,47	0,00064	MED18	NM_017638	Homo sapiens mediator of RNA polymerase II transcription, subunit 18 homolog (S. cerevisiae) (MED18), mRNA [NM_017638]
A_23_P28898	0,48	0,00060	PLCB4	NM_000933	Homo sapiens phospholipase C, beta 4 (PLCB4), transcript variant 1, mRNA [NM_000933]
A_23_P114423	0,48	0,00021	RGN	NM_004683	Homo sapiens regucalcin (senescence marker protein-30) (RGN), transcript variant 1, mRNA [NM_004683]
A_23_P63343	0,48	0,00000	UTS2	NM_021995	Homo sapiens urotensin 2 (UTS2), transcript variant 1, mRNA [NM_021995]
A_23_P35277	0,48	0,00067	FAM5B	NM_021165	Homo sapiens family with sequence similarity 5, member B (FAM5B), mRNA [NM_021165]
A_23_P118615	0,48	0,00011	ABCA8	NM_007168	Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 8 (ABCA8), mRNA [NM_007168]
A_24_P602871	0,48	0,00633	SAMD5	NM_001030060	Homo sapiens SAM domain containing 1 (LOC389432), mRNA [NM_001030060]
A_23_P73660	0,48	0,00007	TRAPPC2	NM_001011658	Homo sapiens trafficking protein particle complex 2 (TRAPPC2), transcript variant 1, mRNA [NM_001011658]
A_24_P383609	0,48	0,00215	NANOS1	NM_199461	Homo sapiens nanos homolog 1 (Drosophila) (NANOS1), transcript variant 1, mRNA [NM_199461]
A_23_P60146	0,48	0,00231	PDGFRL	NM_006207	Homo sapiens platelet-derived growth factor receptor-like (PDGFRL), mRNA [NM_006207]
A_23_P366216	0,48	0,00010	HIST1H2BH	NM_003524	Homo sapiens histone cluster 1, H2bh (HIST1H2BH), mRNA [NM_003524]
A_23_P314052	0,48	0,00041	TRIM58	NM_015431	Homo sapiens tripartite motif-containing 58 (TRIM58), mRNA [NM_015431]
A_24_P146211	0,48	0,00009	HIST1H2BD	NM_021063	Homo sapiens histone cluster 1, H2bd (HIST1H2BD), transcript variant 1, mRNA [NM_021063]
A_24_P112160	0,48	0,00110	UPK3B	NM_030570	Homo sapiens uroplakin 3B (UPK3B), transcript variant 1, mRNA [NM_030570]
A_23_P3532	0,48	0,00083	LITAF	NM_004862	Homo sapiens lipopolysaccharide-induced TNF factor (LITAF), mRNA [NM_004862]
A_23_P218807	0,48	0,00005	ZC3H7B	NM_017590	Homo sapiens zinc finger CCH-type containing 7B (ZC3H7B), mRNA [NM_017590]
A_23_P38959	0,48	0,00004	VAV1	NM_005428	Homo sapiens vav 1 oncogene (VAV1), mRNA [NM_005428]
A_32_P226205	0,48	0,00052	ZFH2	AB051549	Homo sapiens mRNA for KIAA1762 protein, partial cds. [AB051549]
A_23_P8013	0,49	0,00012	HIST1H2BL	NM_003519	Homo sapiens histone cluster 1, H2bl (HIST1H2BL), mRNA [NM_003519]
A_24_P192727	0,49	0,00010	KAZALD1	ENST00000224809	Kazal-type serine protease inhibitor domain-containing protein 1 precursor. [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q96182] [ENST00000224809]
A_23_P256158	0,49	0,00018	ADRA2C	NM_000683	Homo sapiens adrenergic, alpha-2C-, receptor (ADRA2C), mRNA [NM_000683]
A_23_P42178	0,49	0,00013	HIST1H2BF	NM_003522	Homo sapiens histone cluster 1, H2bf (HIST1H2BF), mRNA [NM_003522]
A_24_P61537	0,49	0,00308	CKB	NM_001823	Homo sapiens creatine kinase, brain (CKB), mRNA [NM_001823]
A_23_P59069	0,49	0,00011	HIST1H2BO	NM_003527	Homo sapiens histone cluster 1, H2bo (HIST1H2BO), mRNA [NM_003527]
A_23_P76749	0,49	0,00103	GALNTL1	NM_020692	Homo sapiens UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase-like 1 (GALNTL1), mRNA [NM_020692]
A_32_P179998	0,49	0,00012	DMRTC1	NM_033053	Homo sapiens DMRT-like family C1 (DMRTC1), mRNA [NM_033053]
A_24_P24848	0,49	0,00215	PSORS1C1	NM_014068	Homo sapiens psoriasis susceptibility 1 candidate 1 (PSORS1C1), mRNA [NM_014068]
A_23_P201319	0,49	0,00013	DISP1	NM_032890	Homo sapiens dispatched homolog 1 (Drosophila) (DISP1), mRNA [NM_032890]
A_23_P18493	0,49	0,00042	PTPN13	NM_080685	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 13 (APO-1/CD95 (Fas)-associated phosphatase) (PTPN13), transcript variant 4, mRNA [NM_080685]
A_24_P328524	0,49	0,00147	KALRN	NM_003947	Homo sapiens kalirin, RhoGEF kinase (KALRN), transcript variant 2, mRNA [NM_003947]
A_23_P348146	0,49	0,00075	SLAIN1	NM_144595	Homo sapiens SLAIN motif family, member 1 (SLAIN1), transcript variant 2, mRNA [NM_144595]
A_24_P356916	0,49	0,00036	SLC13A3	NM_001011554	Homo sapiens solute carrier family 13 (sodium-dependent dicarboxylate transporter), member 3 (SLC13A3), transcript variant 2, mRNA [NM_001011554]
A_32_P140268	0,49	0,00006	KCNDB3	ENST00000369697	Potassium voltage-gated channel subfamily D member 3 (Voltage-gated potassium channel subunit Kv4.3). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q9UK17] [ENST00000369697]

Nombre de la Sonda	Ratio Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P317762	0,49	0,00012	LY6E	NM_002346	Homo sapiens lymphocyte antigen 6 complex, locus E (LY6E), mRNA [NM_002346]
A_23_P124514	0,49	0,00000	DLG2	NM_001364	Homo sapiens discs, large homolog 2, chaparrin-110 (Drosophila) (DLG2), mRNA [NM_001364]
A_23_P170233	0,49	0,00020	CSTA	NM_005213	Homo sapiens cystatin A (stefin A) (CSTA), mRNA [NM_005213]
A_24_P289260	0,49	0,00809	DACT2	NM_214462	Homo sapiens dapper, antagonist of beta-catenin, homolog 2 (Xenopus laevis) (DACT2), mRNA [NM_214462]
A_23_P128084	0,50	0,00255	ITGA7	NM_002206	Homo sapiens integrin, alpha 7 (ITGA7), mRNA [NM_002206]
A_32_P107746	0,50	0,00054	ENSA	NM_207042	Homo sapiens endosulfine alpha (ENSA), transcript variant 1, mRNA [NM_207042]
A_23_P254654	0,50	0,00032	CLIC3	NM_004669	Homo sapiens chloride intracellular channel 3 (CLIC3), mRNA [NM_004669]
A_23_P7402	0,50	0,00499	PDZD2	NM_178140	Homo sapiens PDZ domain containing 2 (PDZD2), mRNA [NM_178140]
A_23_P93442	0,50	0,00019	SASH1	NM_015278	Homo sapiens SAM and SH3 domain containing 1 (SASH1), mRNA [NM_015278]
A_23_P93180	0,50	0,00009	HIST1H2BC	NM_003526	Homo sapiens histone cluster 1, H2bc (HIST1H2BC), mRNA [NM_003526]
A_23_P135271	0,50	0,00339	B4GALT1	ENST00000379731	Beta-1,4-galactosyltransferase 1 (EC 2.4.1.-) (Beta-1,4-GalTase 1) (Beta4Gal-T1) (b4Gal-T1) (UDP-galactose:beta-N-acetylglucosamine beta-1,4-galactosyltransferase 1) (UDP-Gal:beta-GlcNAc beta-1,4- galactosyltransferase 1) [Includes: Lactose synthase...]
A_24_P251962	0,50	0,00075	PCDHB2	NM_018936	Homo sapiens protocadherin beta 2 (PCDHB2), mRNA [NM_018936]
A_24_P168925	0,50	0,00444	ENST00000372045	ENST00000372045	Chordin-like protein 1 precursor (Neuralin-1) (Ventropin) (Neurogenesis-1). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q9BU40] [ENST00000372045]
A_23_P76684	0,50	0,00001	RTN3	NM_006054	Homo sapiens reticulon 3 (RTN3), transcript variant 1, mRNA [NM_006054]
A_23_P419714	0,50	0,00415	BTBD11	NM_152322	Homo sapiens BTB (POZ) domain containing 11 (BTBD11), transcript variant 1, mRNA [NM_152322]
A_23_P334308	0,50	0,00002	KIAA0774	NM_001033602	Homo sapiens KIAA0774 (KIAA0774), transcript variant 1, mRNA [NM_001033602]
A_23_P156117	0,50	0,00011	CYFIP2	NM_014376	Homo sapiens cytoplasmic FMR1 interacting protein 2 (CYFIP2), transcript variant 3, mRNA [NM_014376]
A_24_P182858	0,50	0,00024	LBH	NM_030915	Homo sapiens limb bud and heart development homolog (mouse) (LBH), mRNA [NM_030915]
A_23_P395582	0,50	0,00009	ZFP42	NM_174900	Homo sapiens zinc finger protein 42 homolog (mouse) (ZFP42), mRNA [NM_174900]
A_23_P116280	0,50	0,00009	WT1	NM_024424	Homo sapiens Wilms tumor 1 (WT1), transcript variant B, mRNA [NM_024424]
A_23_P204947	0,50	0,00009	GJB2	NM_004004	Homo sapiens gap junction protein, beta 2, 26kDa (GJB2), mRNA [NM_004004]
A_23_P32414	0,50	0,00536	RP6-213H19.1	NM_016542	Homo sapiens serine/threonine protein kinase MST4 (MST4), transcript variant 1, mRNA [NM_016542]
A_23_P122443	0,50	0,00011	HIST1H1C	NM_005319	Homo sapiens histone cluster 1, H1c (HIST1H1C), mRNA [NM_005319]
A_23_P125705	0,50	0,00000	NAP1L2	NM_021963	Homo sapiens nucleosome assembly protein 1-like 2 (NAP1L2), mRNA [NM_021963]

GENES REPRIMIDOS EN EL FENOTIPO NO EPITELIOIDE

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P160286	0,03	0,00006	PRG4	NM_005807	Homo sapiens proteoglycan 4 (PRG4), mRNA [NM_005807]
A_23_P39056	0,03	0,00000	KLK7	NM_005046	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 7 (KLK7), transcript variant 1, mRNA [NM_005046]
A_23_P65618	0,05	0,00000	TGM1	NM_000359	Homo sapiens transglutaminase 1 (K polypeptide epidermal type I, protein-glutamine-gamma-glutamyltransferase) (TGM1), mRNA [NM_000359]
A_23_P369343	0,06	0,00001	KLK8	NM_144505	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 8 (KLK8), transcript variant 2, mRNA [NM_144505]
A_23_P91390	0,06	0,00000	THBD	NM_000361	Homo sapiens thrombomodulin (THBD), mRNA [NM_000361]
A_23_P416774	0,06	0,00000	CLIC5	NM_016929	Homo sapiens chloride intracellular channel 5 (CLIC5), mRNA [NM_016929]
A_23_P167129	0,06	0,00000	HHIP	NM_022475	Homo sapiens hedgehog interacting protein (HHIP), mRNA [NM_022475]
A_23_P208779	0,07	0,00000	EPS8L1	NM_133180	Homo sapiens EPS8-like 1 (EPS8L1), transcript variant 1, mRNA [NM_133180]
A_23_P170649	0,07	0,00002	RPES	NM_153225	Homo sapiens RPE-spondin (RPES), mRNA [NM_153225]
A_23_P59738	0,07	0,00000	MYL7	NM_021223	Homo sapiens myosin, light chain 7, regulatory (MYL7), mRNA [NM_021223]
A_23_P206760	0,08	0,00000	HP	NM_005143	Homo sapiens haptoglobin (HP), mRNA [NM_005143]
A_32_P107617	0,08	0,00000	SFTPD	NM_003019	Homo sapiens surfactant, pulmonary-associated protein D (SFTPD), mRNA [NM_003019]
A_23_P121926	0,09	0,00098	SEPP1	NM_005410	Homo sapiens selenoprotein P, plasma, 1 (SEPP1), mRNA [NM_005410]
A_23_P91230	0,09	0,00000	SLPI	NM_003064	Homo sapiens secretory leukocyte peptidase inhibitor (SLPI), mRNA [NM_003064]
A_23_P153480	0,09	0,00000	KLK5	NM_012427	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 5 (KLK5), transcript variant 1, mRNA [NM_012427]
A_23_P206359	0,09	0,00003	CDH1	NM_004360	Homo sapiens cadherin 1, type 1, E-cadherin (epithelial) (CDH1), mRNA [NM_004360]
A_23_P146946	0,09	0,00000	CST6	NM_001323	Homo sapiens cystatin E/M (CST6), mRNA [NM_001323]
A_23_P153571	0,09	0,00000	IGFL2	NM_001002915	Homo sapiens IGF-like family member 2 (IGFL2), mRNA [NM_001002915]
A_24_P31627	0,09	0,00000	KCNB1	NM_004975	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, Shab-related subfamily, member 1 (KCNB1), mRNA [NM_004975]
A_23_P95790	0,09	0,00003	ITLN1	NM_017625	Homo sapiens intelectin 1 (galactofuranose binding) (ITLN1), mRNA [NM_017625]
A_23_P304921	0,10	0,00000	NOX1	NM_013955	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1Lv, mRNA [NM_013955]
A_23_P18078	0,10	0,00004	RARRES1	NM_002888	Homo sapiens retinoic acid receptor responder (azartotene induced) 1 (RARRES1), transcript variant 2, mRNA [NM_002888]
A_24_P555066	0,10	0,00000	SMTNL2	NM_198501	Homo sapiens smoothelin-like 2 (SMTNL2), mRNA [NM_198501]
A_23_P101505	0,11	0,00003	KLK11	NM_144947	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 11 (KLK11), transcript variant 2, mRNA [NM_144947]
A_23_P60742	0,11	0,00000	MYLPF	NM_013292	Homo sapiens fast skeletal myosin light chain 2 (MYLPF), mRNA [NM_013292]
A_23_P214627	0,12	0,00000	AIF1	NM_004847	Homo sapiens allograft inflammatory factor 1 (AIF1), transcript variant 2, mRNA [NM_004847]
A_23_P156687	0,12	0,00001	CFB	NM_001710	Homo sapiens complement factor B (CFB), mRNA [NM_001710]
A_23_P161280	0,12	0,00000	SPOCK2	NM_014767	Homo sapiens sparco/osteonectin, cwcv and kazal-like domains proteoglycan (testican) 2 (SPOCK2), mRNA [NM_014767]
A_24_P305784	0,12	0,00006	SPANXB2	NM_145664	Homo sapiens SPANX family, member B2 (SPANXB2), mRNA [NM_145664]
A_23_P255672	0,12	0,00000	ABLIM2	NM_032432	Homo sapiens actin binding LIM protein family, member 2 (ABLIM2), mRNA [NM_032432]
A_23_P5200	0,13	0,00000	NPHS1	NM_004646	Homo sapiens nephrosis 1, congenital, Finnish type (nephrin) (NPHS1), mRNA [NM_004646]
A_23_P161297	0,13	0,00005	OGDHL	NM_018245	Homo sapiens oxoglutarate dehydrogenase-like (OGDHL), mRNA [NM_018245]
A_23_P203191	0,13	0,00000	APOA1	NM_000039	Homo sapiens apolipoprotein A-I (APOA1), mRNA [NM_000039]
A_23_P85015	0,13	0,00000	MAOB	NM_000898	Homo sapiens monoamine oxidase B (MAOB), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_000898]
A_23_P112289	0,14	0,00000	TMOD1	NM_003275	Homo sapiens tropomodulin 1 (TMOD1), mRNA [NM_003275]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P215060	0,14	0,00001	PODXL	NM_005397	Homo sapiens podocalyxin-like (PODXL), transcript variant 2, mRNA [NM_005397]
A_23_P73501	0,14	0,00005	SPANXD	NM_032417	Homo sapiens SPANX family, member D (SPANXD), mRNA [NM_032417]
A_23_P217280	0,14	0,00000	NOX1	NM_007052	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1L, mRNA [NM_007052]
A_23_P213745	0,14	0,00006	CXCL14	NM_004887	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 14 (CXCL14), mRNA [NM_004887]
A_23_P12082	0,14	0,00000	CHI3L2	NM_004000	Homo sapiens chitinase 3-like 2 (CHI3L2), transcript variant 1, mRNA [NM_004000]
A_24_P52597	0,14	0,00000	CYP17A1	NM_000102	Homo sapiens cytochrome P450, family 17, subfamily A, polypeptide 1 (CYP17A1), mRNA [NM_000102]
A_23_P171074	0,14	0,00002	ITM2A	NM_004867	Homo sapiens integral membrane protein 2A (ITM2A), mRNA [NM_004867]
A_23_P36531	0,14	0,00013	TSPAN8	NM_004616	Homo sapiens tetraspanin 8 (TSPAN8), mRNA [NM_004616]
A_23_P26865	0,14	0,00012	MYH3	NM_002470	Homo sapiens myosin, heavy chain 3, skeletal muscle, embryonic (MYH3), mRNA [NM_002470]
A_24_P45728	0,14	0,00000	CGN	NM_020770	Homo sapiens cingulin (CGN), mRNA [NM_020770]
A_23_P107911	0,15	0,00000	KLK10	NM_002776	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 10 (KLK10), transcript variant 1, mRNA [NM_002776]
A_23_P27795	0,15	0,00000	SPINT2	NM_021102	Homo sapiens serine peptidase inhibitor, Kunitz type, 2 (SPINT2), mRNA [NM_021102]
A_23_P102391	0,15	0,00003	SLC40A1	NM_014585	Homo sapiens solute carrier family 40 (iron-regulated transporter), member 1 (SLC40A1), mRNA [NM_014585]
A_24_P112160	0,15	0,00000	UPK3B	NM_030570	Homo sapiens uroplakin 3B (UPK3B), transcript variant 1, mRNA [NM_030570]
A_23_P429977	0,15	0,00000	KCNQ1	NM_000218	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, KQT-like subfamily, member 1 (KCNQ1), transcript variant 1, mRNA [NM_000218]
A_23_P19754	0,15	0,00000	CPA4	NM_016352	Homo sapiens carboxypeptidase A4 (CPA4), mRNA [NM_016352]
A_23_P421493	0,15	0,00000	HPR	NM_020995	Homo sapiens haptoglobin-related protein (HPR), mRNA [NM_020995]
A_23_P114862	0,15	0,00003	ANGPTL7	NM_021146	Homo sapiens angiopoietin-like 7 (ANGPTL7), mRNA [NM_021146]
A_23_P99642	0,16	0,00001	SLC7A7	NM_003982	Homo sapiens solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 7 (SLC7A7), mRNA [NM_003982]
A_23_P316410	0,16	0,00000	NOX1	NM_013954	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1S, mRNA [NM_013954]
A_23_P60130	0,16	0,00001	MAL2	NM_052886	Homo sapiens mal, T-cell differentiation protein 2 (MAL2), mRNA [NM_052886]
A_23_P78099	0,16	0,00000	VTN	NM_000638	Homo sapiens vitronectin (VTN), mRNA [NM_000638]
A_23_P113793	0,16	0,00017	ZBED2	NM_024508	Homo sapiens zinc finger, BED-type containing 2 (ZBED2), mRNA [NM_024508]
A_23_P415706	0,16	0,00000	ENST00000376682	ENST00000376682	Probable G-protein coupled receptor 133 precursor (G-protein coupled receptor PGR25), [Source:UniProt/SWISSPROT-Acc:Q6QNK2] [ENST00000376682]
A_24_P200219	0,16	0,00001	UPK1B	NM_006952	Homo sapiens uroplakin 1B (UPK1B), mRNA [NM_006952]
A_23_P217379	0,17	0,00058	COL4A6	NM_033641	Homo sapiens collagen, type IV, alpha 6 (COL4A6), transcript variant B, mRNA [NM_033641]
A_23_P156880	0,17	0,00001	ENPP1	NM_006208	Homo sapiens ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 1 (ENPP1), mRNA [NM_006208]
A_23_P138352	0,17	0,00011	WNT2B	NM_004185	Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 2B (WNT2B), transcript variant WNT-2B1, mRNA [NM_004185]
A_23_P394304	0,17	0,00001	PDZK1IP1	NM_005764	Homo sapiens PDZK1 interacting protein 1 (PDZK1IP1), mRNA [NM_005764]
A_23_P105803	0,18	0,00002	FGF9	NM_002010	Homo sapiens fibroblast growth factor 9 (glia-activating factor) (FGF9), mRNA [NM_002010]
A_23_P217570	0,18	0,00006	CAPN6	NM_014289	Homo sapiens calpain 6 (CAPN6), mRNA [NM_014289]
A_23_P5211	0,18	0,00000	MUC16	NM_024690	Homo sapiens mucin 16, cell surface associated (MUC16), mRNA [NM_024690]
A_23_P93442	0,19	0,00000	SASH1	NM_015278	Homo sapiens SAM and SH3 domain containing 1 (SASH1), mRNA [NM_015278]
A_23_P15174	0,19	0,00059	MT1F	NM_005949	Homo sapiens metallothionein 1F (MT1F), mRNA [NM_005949]
A_23_P83134	0,19	0,00003	GAS1	NM_002048	Homo sapiens growth arrest-specific 1 (GAS1), mRNA [NM_002048]
A_23_P51518	0,20	0,00255	RGS5	NM_003617	Homo sapiens regulator of G-protein signalling 5 (RGS5), mRNA [NM_003617]
A_23_P140748	0,20	0,00032	NDRG4	NM_022910	Homo sapiens NDRG family member 4 (NDRG4), mRNA [NM_022910]
A_23_P97700	0,20	0,00001	TXNIP	NM_006472	Homo sapiens thioredoxin interacting protein (TXNIP), mRNA [NM_006472]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P31873	0,20	0,00000	RAB11FIP1	NM_001002233	Homo sapiens RAB11 family interacting protein 1 (class I) (RAB11FIP1), transcript variant 2, mRNA [NM_001002233]
A_23_P500886	0,20	0,00000	CLDN15	NM_014343	Homo sapiens claudin 15 (CLDN15), transcript variant 1, mRNA [NM_014343]
A_23_P87346	0,20	0,00015	HBD	NM_000519	Homo sapiens hemoglobin, delta (HBD), mRNA [NM_000519]
A_23_P253911	0,20	0,00000	CHRNA3	NM_000743	Homo sapiens cholinergic receptor, nicotinic, alpha 3 (CHRNA3), mRNA [NM_000743]
A_23_P114185	0,20	0,00000	TSPAN7	NM_004615	Homo sapiens tetraspanin 7 (TSPAN7), mRNA [NM_004615]
A_24_P326398	0,20	0,00001	CRB2	NM_173689	Homo sapiens crumbs homolog 2 (Drosophila) (CRB2), mRNA [NM_173689]
A_23_P35534	0,20	0,00001	NEUROG3	NM_020999	Homo sapiens neurogenin 3 (NEUROG3), mRNA [NM_020999]
A_23_P252432	0,20	0,00006	TM4SF4	NM_004617	Homo sapiens transmembrane 4 L six family member 4 (TM4SF4), mRNA [NM_004617]
A_23_P59375	0,21	0,00063	ID4	NM_001546	Homo sapiens inhibitor of DNA binding 4, dominant negative helix-loop-helix protein (ID4), mRNA [NM_001546]
A_23_P80162	0,21	0,00001	TMPRSS3	NM_032405	Homo sapiens transmembrane protease, serine 3 (TMPRSS3), transcript variant D, mRNA [NM_032405]
A_23_P138706	0,21	0,00000	ADRA2A	NM_000681	Homo sapiens adrenergic, alpha-2A-, receptor (ADRA2A), mRNA [NM_000681]
A_23_P218675	0,21	0,00001	WFDC2	NM_080734	Homo sapiens WAP four-disulfide core domain 2 (WFDC2), transcript variant 4, mRNA [NM_080734]
A_32_P192376	0,21	0,00001	ENPP1	ENST000000367994	Ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 1 (E-NPP 1) (Phosphodiesterase 1/nucleotide pyrophosphatase 1) (Plasma-cell membrane glycoprotein PC-1) [Includes: Alkaline phosphodiesterase 1 (EC 3.1.4.1); Nucleotide pyrophosphatase (EC 3.6.1.9)...]
A_23_P93027	0,21	0,00000	FGF18	NM_003862	Homo sapiens fibroblast growth factor 18 (FGF18), mRNA [NM_003862]
A_23_P256033	0,21	0,00001	EEF1A2	NM_001958	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 1 alpha 2 (EEF1A2), mRNA [NM_001958]
A_24_P602871	0,21	0,00000	SAMD5	NM_001030060	Homo sapiens SAM domain containing 1 (LOC389432), mRNA [NM_001030060]
A_23_P160881	0,21	0,00000	SMPDL3B	NM_001009568	Homo sapiens sphingomyelin phosphodiesterase, acid-like 3B (SMPDL3B), transcript variant 2, mRNA [NM_001009568]
A_23_P90710	0,21	0,00014	DES	NM_001927	Homo sapiens desmin (DES), mRNA [NM_001927]
A_24_P289260	0,22	0,00000	DACT2	NM_214462	Homo sapiens dapper, antagonist of beta-catenin, homolog 2 (Xenopus laevis) (DACT2), mRNA [NM_214462]
A_23_P416711	0,22	0,00014	ST6GALNAC3	NM_152996	Homo sapiens ST6 (alpha-N-acetyl-neuraminyl-2,3-beta-galactosyl-1,3)-N-acetyl-galactosaminide alpha-2,6-sialyltransferase 3 (ST6GALNAC3), mRNA [NM_152996]
A_23_P382607	0,22	0,00003	WNT4	NM_030761	Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 4 (WNT4), mRNA [NM_030761]
A_23_P500824	0,22	0,00000	SYN1	NM_133499	Homo sapiens synapsin I (SYN1), transcript variant 1b, mRNA [NM_133499]
A_23_P140434	0,22	0,00001	MYO5C	NM_018728	Homo sapiens myosin VC (MYO5C), mRNA [NM_018728]
A_23_P59960	0,22	0,00000	CRISPLD1	NM_031461	Homo sapiens cysteine-rich secretory protein LCCL domain containing 1 (CRISPLD1), mRNA [NM_031461]
A_23_P201790	0,22	0,00000	PPP1R12B	NM_032105	Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 12B (PPP1R12B), transcript variant 2, mRNA [NM_032105]
A_23_P157007	0,22	0,00026	TMEM176B	NM_014020	Homo sapiens transmembrane protein 176B (TMEM176B), mRNA [NM_014020]
A_23_P208482	0,23	0,00000	CLEC4M	NM_214677	Homo sapiens C-type lectin domain family 4, member M (CLEC4M), transcript variant 4, mRNA [NM_214677]
A_23_P216779	0,23	0,00000	NTRK2	NM_001007097	Homo sapiens neurotrophic tyrosine kinase, receptor, type 2 (NTRK2), transcript variant b, mRNA [NM_001007097]
A_23_P42909	0,23	0,00000	TMEM139	NM_153345	Homo sapiens transmembrane protein 139 (TMEM139), mRNA [NM_153345]
A_23_P45999	0,23	0,00003	FBXO2	NM_012168	Homo sapiens F-box protein 2 (FBXO2), mRNA [NM_012168]
A_24_P124624	0,23	0,00013	OLR1	NM_002543	Homo sapiens oxidized low density lipoprotein (lectin-like) receptor 1 (OLR1), mRNA [NM_002543]
A_23_P69537	0,23	0,00045	NMU	NM_006681	Homo sapiens neuromedin U (NMU), mRNA [NM_006681]
A_32_P231617	0,23	0,00034	TM4SF1	NM_014220	Homo sapiens transmembrane 4 L six family member 1 (TM4SF1), mRNA [NM_014220]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P347027	0.23	0.00000	SMPD3	NM_018667	Homo sapiens sphingomyelin phosphodiesterase 3, neutral membrane (neutral sphingomyelinase II) (SMPD3), mRNA [NM_018667]
A_23_P113471	0.23	0.00000	FAAH2	NM_174912	Homo sapiens fatty acid amide hydrolase 2 (FAAH2), mRNA [NM_174912]
A_23_P19894	0.24	0.00005	AQP1	NM_198098	Homo sapiens aquaporin 1 (Colton blood group) (AQP1), mRNA [NM_198098]
A_24_P293698	0.24	0.00001	RSPO1	NM_001038633	Homo sapiens R-spondin homolog (Xenopus laevis) (RSPO1), mRNA [NM_001038633]
A_23_P31143	0.24	0.00013	TPD52L1	NM_001003395	Homo sapiens tumor protein D52-like 1 (TPD52L1), transcript variant 2, mRNA [NM_001003395]
A_23_P70307	0.24	0.00324	SMOC2	NM_022138	Homo sapiens SPARC related modular calcium binding 2 (SMOC2), mRNA [NM_022138]
A_23_P398854	0.24	0.00000	DOK7	NM_173660	Homo sapiens docking protein 7 (DOK7), mRNA [NM_173660]
A_23_P348146	0.24	0.00005	SLAIN1	NM_144595	Homo sapiens SLAIN motif family, member 1 (SLAIN1), transcript variant 2, mRNA [NM_144595]
A_23_P11843	0.24	0.00000	LRRN2	NM_201630	Homo sapiens leucine rich repeat neuronal 2 (LRRN2), transcript variant 2, mRNA [NM_201630]
A_23_P101407	0.24	0.00002	C3	NM_000064	Homo sapiens complement component 3 (C3), mRNA [NM_000064]
A_23_P303833	0.24	0.00000	SCN4B	NM_174934	Homo sapiens sodium channel, voltage-gated, type IV, beta (SCN4B), mRNA [NM_174934]
A_24_P150023	0.24	0.00000	KCNA4	NM_002233	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, member 4 (KCNA4), mRNA [NM_002233]
A_32_P20288	0.24	0.00000	FBXL17	BC063316	Homo sapiens F-box and leucine-rich repeat protein 17, mRNA (cDNA clone MGC:71854 IMAGE:30341140), complete cds. [BC063316]
A_23_P54144	0.24	0.00000	BMP4	NM_001202	Homo sapiens bone morphogenetic protein 4 (BMP4), transcript variant 1, mRNA [NM_001202]
A_23_P250212	0.24	0.00002	DKFZp761P0423	ENST00000330777	Tyrosine-protein kinase Sgk223 (EC 2.7.10.2) (Sugen kinase 223). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q86YV5] [ENST00000330777]
A_24_P267293	0.24	0.00002	SARM1	NM_015077	Homo sapiens sterile alpha and TIR motif containing 1 (SARM1), mRNA [NM_015077]
A_23_P7412	0.25	0.00594	BTNL8	NM_024850	Homo sapiens butyrophilin-like 8 (BTNL8), transcript variant 1, mRNA [NM_024850]
A_23_P69030	0.25	0.00001	COL8A1	NM_001850	Homo sapiens collagen, type VIII, alpha 1 (COL8A1), transcript variant 1, mRNA [NM_001850]
A_32_P44878	0.25	0.00014	ITIH5	ENST00000256861	inter-alpha trypsin inhibitor heavy chain precursor 5 isoform 1 [Source:RefSeq_peptide;Acc:NP_085046] [ENST00000256861]
A_23_P411993	0.25	0.00000	ITIH5	NM_030569	Homo sapiens inter-alpha (globulin) inhibitor H5 (ITIH5), transcript variant 1, mRNA [NM_030569]
A_23_P48988	0.25	0.00000	SH3GL3	NM_003027	Homo sapiens SH3-domain GRB2-like 3 (SH3GL3), mRNA [NM_003027]
A_23_P168403	0.25	0.00004	KCNH2	NM_000238	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 2 (KCNH2), transcript variant 1, mRNA [NM_000238]
A_23_P25790	0.25	0.00001	CDH24	NM_022478	Homo sapiens cadherin-like 24 (CDH24), transcript variant 1, mRNA [NM_022478]
A_23_P35277	0.25	0.00005	FAM5B	NM_021165	Homo sapiens family with sequence similarity 5, member B (FAM5B), mRNA [NM_021165]
A_23_P145978	0.26	0.00001	VIPR2	NM_003382	Homo sapiens vasoactive intestinal peptide receptor 2 (VIPR2), mRNA [NM_003382]
A_24_P260134	0.26	0.00000	NMNAT3	NM_178177	Homo sapiens nicotinamide nucleotide adenylyltransferase 3 (NMNAT3), mRNA [NM_178177]
A_23_P101992	0.26	0.00016	MARCO	NM_006770	Homo sapiens macrophage receptor with collagenous structure (MARCO), mRNA [NM_006770]
A_23_P32414	0.26	0.00005	RP6-213H19.1	NM_016542	Homo sapiens serine/threonine protein kinase MST4 (MST4), transcript variant 1, mRNA [NM_016542]
A_24_P71973	0.26	0.00001	KDR	NM_002253	Homo sapiens kinase insert domain receptor (a type III receptor tyrosine kinase) (KDR), mRNA [NM_002253]
A_23_P214944	0.26	0.00000	ALDH8A1	NM_022568	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 8 family, member A1 (ALDH8A1), transcript variant 1, mRNA [NM_022568]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P431305	0,26	0,00005	FAM69B	NM_152421	Homo sapiens family with sequence similarity 69, member B (FAM69B), mRNA [NM_152421]
A_23_P128084	0,26	0,00183	ITGA7	NM_002206	Homo sapiens integrin, alpha 7 (ITGA7), mRNA [NM_002206]
A_23_P131676	0,26	0,00005	CXCR7	NM_020311	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) receptor 7 (CXCR7), transcript variant 2, mRNA [NM_020311]
A_23_P83388	0,26	0,00002	EPPK1	NM_031308	Homo sapiens epiplakin 1 (EPPK1), mRNA [NM_031308]
A_24_P62505	0,26	0,00004	GLT25D2	NM_015101	Homo sapiens glycosyltransferase 25 domain containing 2 (GLT25D2), mRNA [NM_015101]
A_23_P395609	0,26	0,00001	FAM110B	NM_147189	Homo sapiens family with sequence similarity 110, member B (FAM110B), mRNA [NM_147189]
A_23_P145824	0,26	0,00001	PPP1R9A	NM_017650	Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 9A (PPP1R9A), mRNA [NM_017650]
A_23_P41424	0,26	0,00139	SLC39A8	NM_022154	Homo sapiens solute carrier family 39 (zinc transporter), member 8 (SLC39A8), mRNA [NM_022154]
A_23_P3532	0,26	0,00000	LITAF	NM_004862	Homo sapiens lipopolysaccharide-induced TNF factor (LITAF), mRNA [NM_004862]
A_24_P278747	0,26	0,00000	CCND2	NM_001759	Homo sapiens cyclin D2 (CCND2), mRNA [NM_001759]
A_23_P397376	0,26	0,00086	MAF	NM_005360	Homo sapiens v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog (avian) (MAF), transcript variant 1, mRNA [NM_005360]
A_23_P156117	0,27	0,00000	CYFIP2	NM_014376	Homo sapiens cytoplasmic FMR1 interacting protein 2 (CYFIP2), transcript variant 3, mRNA [NM_014376]
A_23_P11644	0,27	0,00000	SPRR2D	NM_006945	Homo sapiens small proline-rich protein 2D (SPRR2D), mRNA [NM_006945]
A_32_P52785	0,27	0,00000	DAAM2	NM_015345	Homo sapiens dishevelled associated activator of morphogenesis 2 (DAAM2), mRNA [NM_015345]
A_23_P104798	0,27	0,00068	IL18	NM_001562	Homo sapiens interleukin 18 (interferon-gamma-inducing factor) (IL18), mRNA [NM_001562]
A_23_P394246	0,27	0,00001	GPR81	ENST00000356987	Probable G-protein coupled receptor 81 (G-protein coupled receptor 104). [Source:Uniprot/SwissProt;Acc.Q9BXC0] [ENST00000356987]
A_23_P116280	0,27	0,00000	WT1	NM_024424	Homo sapiens Wilms tumor 1 (WT1), transcript variant B, mRNA [NM_024424]
A_23_P61149	0,27	0,00000	INPP5D	NM_001017915	Homo sapiens inositol polyphosphate-5-phosphatase, 145kDa (INPP5D), transcript variant 1, mRNA [NM_001017915]
A_24_P135319	0,27	0,00002	CGNL1	NM_032866	Homo sapiens cingulin-like 1 (CGNL1), mRNA [NM_032866]
A_23_P371107	0,27	0,00000	D4S234E	NM_014392	Homo sapiens DNA segment on chromosome 4 (unique) 234 expressed sequence (D4S234E), transcript variant 1, mRNA [NM_014392]
A_23_P127033	0,28	0,00022	ECHDC3	NM_024693	Homo sapiens enoyl Coenzyme A hydratase domain containing 3 (ECHDC3), mRNA [NM_024693]
A_23_P97541	0,28	0,00000	C4BPA	NM_000715	Homo sapiens complement component 4 binding protein, alpha (C4BPA), mRNA [NM_000715]
A_24_P376451	0,28	0,00001	GDNF	ENST00000381826	Glial cell line-derived neurotrophic factor precursor (Astrocyte- derived trophic factor 1) (ATF-1). [Source:Uniprot/SwissProt;Acc.P39905] [ENST00000381826]
A_24_P926058	0,28	0,00001	Y10152	Y10152	H.sapiens mRNA for CRF2 receptor, beta isoform, aberrantly spliced, (94bp deletion). [Y10152]
A_23_P346309	0,28	0,00009	BAX	NM_138763	Homo sapiens BCL2-associated X protein (BAX), transcript variant delta, mRNA [NM_138763]
A_32_P190303	0,28	0,00003	LONRF2	NM_198461	Homo sapiens LON peptidase N-terminal domain and ring finger 2 (LONRF2), mRNA [NM_198461]
A_24_P117782	0,28	0,00009	SCRT2	NM_033129	Homo sapiens scratch homolog 2, zinc finger protein (Drosophila) (SCRT2), mRNA [NM_033129]
A_23_P212050	0,28	0,00004	BCHE	NM_000055	Homo sapiens butyrylcholinesterase (BCHE), mRNA [NM_000055]
A_23_P319423	0,28	0,00011	KCNK5	NM_003740	Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 5 (KCNK5), mRNA [NM_003740]
A_23_P101761	0,28	0,00001	KISS1R	NM_032551	Homo sapiens KISS1 receptor (KISS1R), mRNA [NM_032551]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P91566	0,28	0,00003	BMP7	NM_001719	Homo sapiens bone morphogenetic protein 7 (osteogenic protein 1) (BMP7), mRNA [NM_001719]
A_24_P215882	0,28	0,00000	ARHGDIG	NM_001176	Homo sapiens Rho GDP dissociation inhibitor (GDI) gamma (ARHGDIG), mRNA [NM_001176]
A_24_P324396	0,28	0,00004	ENST00000330598	ENST00000330598	Homo sapiens HSPC088 mRNA, partial cds. [AF161351]
A_24_P831309	0,28	0,00001	FLJ45717	NM_207401	Homo sapiens FLJ45717 protein (FLJ45717), mRNA [NM_207401]
A_24_P659113	0,28	0,00004	CCNYL1	NM_152523	Homo sapiens cyclin Y-like 1 (CCNYL1), mRNA [NM_152523]
A_23_P76538	0,28	0,00023	TESC	NM_017899	Homo sapiens tescalin (TESC), mRNA [NM_017899]
A_23_P149707	0,28	0,00001	DLGAP3	NM_001080418	Homo sapiens discs, large (Drosophila) homolog-associated protein 3 (DLGAP3), mRNA [NM_001080418]
A_23_P34031	0,29	0,00000	XAGE2	NM_130777	Homo sapiens X antigen family, member 2 (XAGE2), mRNA [NM_130777]
A_24_P356916	0,29	0,00000	SLC13A3	NM_001011554	Homo sapiens solute carrier family 13 (sodium-dependent dicarboxylate transporter), member 3 (SLC13A3), transcript variant 2, mRNA [NM_001011554]
A_23_P82449	0,29	0,00000	DFNA5	NM_004403	Homo sapiens deafness, autosomal dominant 5 (DFNA5), mRNA [NM_004403]
A_23_P315451	0,29	0,00012	KIRREL2	NM_199180	Homo sapiens kin of IRRE like 2 (Drosophila) (KIRREL2), transcript variant 3, mRNA [NM_199180]
A_23_P120794	0,29	0,00001	SLC7A4	NM_004173	Homo sapiens solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 4 (SLC7A4), mRNA [NM_004173]
A_23_P85693	0,29	0,00002	GBP2	NM_004120	Homo sapiens guanylate binding protein 2, interferon-inducible (GBP2), mRNA [NM_004120]
A_23_P85140	0,29	0,00004	TCEAL2	NM_080390	Homo sapiens transcription elongation factor A (SII)-like 2 (TCEAL2), mRNA [NM_080390]
A_24_P50248	0,29	0,00001	FAM110C	NM_001077710	Homo sapiens family with sequence similarity 110, member C (FAM110C), mRNA [NM_001077710]
A_23_P211899	0,29	0,00001	THC2522889	THC2522889	GPR27_HUMAN (Q9NS67) Probable G-protein coupled receptor 27 (Super conserved receptor expressed in brain 1), complete [THC2522889]
A_23_P109269	0,29	0,00000	LAMA5	NM_005560	Homo sapiens laminin, alpha 5 (LAMA5), mRNA [NM_005560]
A_32_P141418	0,29	0,00000	ARMC4	NM_018076	Homo sapiens armadillo repeat containing 4 (ARMC4), mRNA [NM_018076]
A_23_P120863	0,29	0,00005	GAL3ST1	NM_004861	Homo sapiens galactose-3-O-sulfotransferase 1 (GAL3ST1), mRNA [NM_004861]
A_32_P176701	0,30	0,00001	CCDC108	NM_194302	Homo sapiens coiled-coil domain containing 108 (CCDC108), transcript variant 1, mRNA [NM_194302]
A_23_P99442	0,30	0,00001	FLT3	NM_004119	Homo sapiens fms-related tyrosine kinase 3 (FLT3), mRNA [NM_004119]
A_23_P210001	0,30	0,00003	PAX8	NM_003466	Homo sapiens paired box gene 8 (PAX8), transcript variant PAX8A, mRNA [NM_003466]
A_23_P10062	0,30	0,00036	MGAT4C	NM_013244	Homo sapiens mannosyl (alpha-1,3)-glycoprotein beta-1,4-N-acetylglucosaminyltransferase, isozyme C (putative) (MGAT4C), mRNA [NM_013244]
A_23_P304530	0,30	0,00000	LCE5A	NM_178438	Homo sapiens late cornified envelope 5A (LCE5A), mRNA [NM_178438]
A_23_P134433	0,30	0,00001	EN2	NM_001427	Homo sapiens engrailed homeobox 2 (EN2), mRNA [NM_001427]
A_23_P205228	0,30	0,00000	ATP7B	NM_000053	Homo sapiens ATPase, Cu++ transporting, beta polypeptide (ATP7B), transcript variant 1, mRNA [NM_000053]
A_23_P34554	0,30	0,00003	CACNA1E	NM_000721	Homo sapiens calcium channel, voltage-dependent, R type, alpha 1E subunit (CACNA1E), mRNA [NM_000721]
A_24_P279060	0,30	0,00000	HCN4	NM_005477	Homo sapiens hyperpolarization activated cyclic nucleotide-gated potassium channel 4 (HCN4), mRNA [NM_005477]
A_24_P14464	0,30	0,00000	WFDC2	NM_080736	Homo sapiens WAP four-disulfide core domain 2 (WFDC2), transcript variant 2, mRNA [NM_080736]
A_24_P253293	0,30	0,00002	NKX2-8	NM_014360	Homo sapiens NK2 transcription factor related, locus 8 (Drosophila) (NKX2-8), mRNA [NM_014360]
A_32_P69849	0,30	0,00144	NGFRAP1L1	NM_001012978	Homo sapiens NGFRAP1-like 1 (NGFRAP1L1), mRNA [NM_001012978]
A_32_P154911	0,30	0,00001	PRR15	NM_175887	Homo sapiens proline rich 15 (PRR15), mRNA [NM_175887]
A_23_P84281	0,30	0,00001	THC2603259	THC2603259	Q96IM5_HUMAN (Q96IM5) RAB7B protein, complete [THC2603259]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P153549	0,30	0,00001	GRIN2D	NM_000836	Homo sapiens glutamate receptor, ionotropic, N-methyl D-aspartate 2D (GRIN2D), mRNA [NM_000836]
A_23_P28295	0,30	0,00000	LRP2	NM_004525	Homo sapiens low density lipoprotein-related protein 2 (LRP2), mRNA [NM_004525]
A_24_P153456	0,30	0,00004	ZDHHC11	NM_024786	Homo sapiens zinc finger, DHHC-type containing 11 (ZDHHC11), mRNA [NM_024786]
A_23_P88303	0,30	0,00000	HSPA2	NM_021979	Homo sapiens heat shock 70kDa protein 2 (HSPA2), mRNA [NM_021979]
A_23_P355517	0,30	0,00163	SYNPO2L	NM_024875	Homo sapiens synaptopodin 2-like (SYNPO2L), mRNA [NM_024875]
A_23_P6822	0,30	0,00025	ITIH3	NM_002217	Homo sapiens inter-alpha (globulin) inhibitor H3 (ITIH3), mRNA [NM_002217]
A_23_P164927	0,30	0,00003	SYNGR4	NM_012451	Homo sapiens synaptogyrin 4 (SYNGR4), mRNA [NM_012451]
A_23_P214244	0,30	0,00006	ENPP5	NM_021572	Homo sapiens ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 5 (putative function) (ENPP5), mRNA [NM_021572]
A_23_P144476	0,31	0,00000	SPRY1	NM_199327	Homo sapiens sprouty homolog 1, antagonist of FGF signaling (Drosophila) (SPRY1), transcript variant 2, mRNA [NM_199327]
A_24_P261032	0,31	0,00001	RDH10	NM_172037	Homo sapiens retinol dehydrogenase 10 (all-trans) (RDH10), mRNA [NM_172037]
A_23_P7212	0,31	0,00001	CFI	NM_000204	Homo sapiens complement factor I (CFI), mRNA [NM_000204]
A_23_P106472	0,31	0,00000	DNM1DN8-2	AF357221	Homo sapiens FKSG88 mRNA, complete cds. [AF357221]
A_23_P96285	0,31	0,00001	REEP1	NM_022912	Homo sapiens receptor accessory protein 1 (REEP1), mRNA [NM_022912]
A_23_P500614	0,31	0,00001	TNFRSF8	NM_001243	Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 8 (TNFRSF8), transcript variant 1, mRNA [NM_001243]
A_23_P21570	0,31	0,00000	NPAS3	NM_173159	Homo sapiens neuronal PAS domain protein 3 (NPAS3), transcript variant 2, mRNA [NM_173159]
A_23_P16415	0,31	0,00001	LRP3	NM_002333	Homo sapiens low density lipoprotein receptor-related protein 3 (LRP3), mRNA [NM_002333]
A_23_P325642	0,31	0,00001	PDIA2	NM_006849	Homo sapiens protein disulfide isomerase family A, member 2 (PDIA2), mRNA [NM_006849]
A_23_P76901	0,31	0,00017	PLEKHG3	NM_015549	Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family G (with RhoGef domain) member 3 (PLEKHG3), mRNA [NM_015549]
A_23_P334308	0,31	0,00003	KIAA0774	NM_001033602	Homo sapiens KIAA0774 (KIAA0774), transcript variant 1, mRNA [NM_001033602]
A_23_P252082	0,31	0,00024	TMEM176A	NM_018487	Homo sapiens transmembrane protein 176A (TMEM176A), mRNA [NM_018487]
A_23_P162579	0,31	0,00002	HSPB8	NM_014365	Homo sapiens heat shock 22kDa protein 8 (HSPB8), mRNA [NM_014365]
A_24_P127719	0,31	0,00006	MAFA	NM_201589	Homo sapiens v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog A (avian) (MAFA), mRNA [NM_201589]
A_23_P101960	0,31	0,00008	ZFP36L2	NM_006887	Homo sapiens zinc finger protein 36, C3H type-like 2 (ZFP36L2), mRNA [NM_006887]
A_23_P79066	0,31	0,00000	SPPL2B	NM_001077238	Homo sapiens signal peptide peptidase-like 2B (SPPL2B), transcript variant 3, mRNA [NM_001077238]
A_32_P34138	0,31	0,00071	ENST00000343959	ENST00000343959	Protein FAM25. [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q5VTM1] [ENST00000343959]
A_32_P233278	0,31	0,00002	THC2723346	THC2723346	Q5VZL5_HUMAN (Q5VZL5) Zinc finger protein 262, complete [THC2723346]
A_23_P42282	0,31	0,00007	C4B	NM_001002029	Homo sapiens complement component 4B (Chido blood group) (C4B), mRNA [NM_001002029]
A_23_P401524	0,31	0,00001	COX6A2	NM_005205	Homo sapiens cytochrome c oxidase subunit VIa polypeptide 2 (COX6A2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_005205]
A_23_P140876	0,31	0,00003	ABCA3	NM_001089	Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family A (ABCA1), member 3 (ABCA3), mRNA [NM_001089]
A_23_P134347	0,31	0,00018	CPVL	NM_031311	Homo sapiens carboxypeptidase, vitellogenic-like (CPVL), transcript variant 1, mRNA [NM_031311]
A_23_P252052	0,31	0,00001	FILIP1L	NM_182909	Homo sapiens filamin A interacting protein 1-like (FILIP1L), transcript variant 1, mRNA [NM_182909]
A_24_P294419	0,31	0,00001	SEMA3B	NM_004636	Homo sapiens sema domain, immunoglobulin domain (Ig), short basic domain, secreted, (semaphorin) 3B (SEMA3B), transcript variant 1, mRNA [NM_004636]
A_24_P273972	0,31	0,00006	CFH	NM_000186	Homo sapiens complement factor H (CFH), transcript variant 1, mRNA [NM_000186]
A_23_P140858	0,31	0,00001	A2BP1	NM_018723	Homo sapiens ataxin 2-binding protein 1 (A2BP1), transcript variant 4, mRNA [NM_018723]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P285158	0,31	0,00001	FCRLB	BC067080	Homo sapiens Fc receptor-like B, mRNA (cDNA clone MGC:71141 IMAGE:3529386), complete cds. [BC067080]
A_24_P108401	0,31	0,00002	KLK3	AF335478	Homo sapiens prostate-specific antigen variant 2 mRNA, complete cds, alternatively spliced. [AF335478]
A_23_P309837	0,31	0,00001	STON2	NM_033104	Homo sapiens stonin 2 (STON2), mRNA [NM_033104]
A_23_P51487	0,32	0,00464	GBP3	NM_018284	Homo sapiens guanylate binding protein 3 (GBP3), mRNA [NM_018284]
A_23_P416212	0,32	0,00017	HSPB9	NM_033194	Homo sapiens heat shock protein, alpha-crystallin-related, B9 (HSPB9), mRNA [NM_033194]
A_23_P167509	0,32	0,00000	CYFIP2	NM_001037332	Homo sapiens cytoplasmic FMR1 interacting protein 2 (CYFIP2), transcript variant 2, mRNA [NM_001037332]
A_24_P405992	0,32	0,00003	SYNPO	NM_007286	Homo sapiens synaptopodin (SYNPO), mRNA [NM_007286]
A_23_P5778	0,32	0,00000	RAB17	NM_022449	Homo sapiens RAB17, member RAS oncogene family (RAB17), mRNA [NM_022449]
A_24_P91991	0,32	0,00199	NAT8L	NM_178557	Homo sapiens N-acetyltransferase 8-like (NAT8L), mRNA [NM_178557]
A_23_P118615	0,32	0,00000	ABCA8	NM_007168	Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family A (ABC1), member 8 (ABCA8), mRNA [NM_007168]
A_23_P161837	0,32	0,00033	MRV11	NM_130385	Homo sapiens murine retrovirus integration site 1 homolog (MRV11), transcript variant 2, mRNA [NM_130385]
A_23_P215024	0,32	0,00006	LRRC1	NM_018214	Homo sapiens leucine rich repeat containing 1 (LRRC1), mRNA [NM_018214]
A_23_P257231	0,32	0,00002	AGXT2L1	NM_031279	Homo sapiens alanine-glyoxylate aminotransferase 2-like 1 (AGXT2L1), mRNA [NM_031279]
A_23_P255444	0,32	0,00000	DAPP1	NM_014395	Homo sapiens dual adaptor of phosphotyrosine and 3-phosphoinositides (DAPP1), mRNA [NM_014395]
A_23_P49155	0,32	0,00031	CDH3	NM_001793	Homo sapiens cadherin 3, type 1, P-cadherin (placental) (CDH3), mRNA [NM_001793]
A_24_P230675	0,32	0,00001	SOC52	NM_003877	Homo sapiens suppressor of cytokine signaling 2 (SOC52), mRNA [NM_003877]
A_24_P215445	0,32	0,00000	PHOX2A	NM_005169	Homo sapiens paired-like (aristalless) homeobox 2a (PHOX2A), mRNA [NM_005169]
A_23_P145935	0,32	0,00000	EPHB6	NM_004445	Homo sapiens EPH receptor B6 (EPHB6), mRNA [NM_004445]
A_23_P139123	0,32	0,00000	SERPING1	NM_000062	Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade G (C1 inhibitor), member 1, (angioedema, hereditary) (SERPING1), transcript variant 1, mRNA [NM_000062]
A_24_P37887	0,33	0,00002	GPR150	NM_199243	Homo sapiens G protein-coupled receptor 150 (GPR150), mRNA [NM_199243]
A_32_P179998	0,33	0,00000	DMRTC1	NM_033053	Homo sapiens DMRT-like family C1 (DMRTC1), mRNA [NM_033053]
A_23_P360379	0,33	0,00008	EGLN3	NM_022073	Homo sapiens egl nine homolog 3 (C. elegans) (EGLN3), mRNA [NM_022073]
A_23_P257871	0,33	0,00006	DAB2	NM_001343	Homo sapiens disabled homolog 2, mitogen-responsive phosphoprotein (Drosophila) (DAB2), mRNA [NM_001343]
A_23_P107394	0,33	0,00000	HES7	NM_032580	Homo sapiens hairy and enhancer of split 7 (Drosophila) (HES7), mRNA [NM_032580]
A_23_P86493	0,33	0,00000	LBX1	NM_006562	Homo sapiens ladybird homeobox 1 (LBX1), mRNA [NM_006562]
A_23_P106906	0,33	0,00000	PPL	NM_002705	Homo sapiens periplakin (PPL), mRNA [NM_002705]
A_23_P257111	0,33	0,00001	FBP1	NM_000507	Homo sapiens fructose-1,6-bisphosphatase 1 (FBP1), mRNA [NM_000507]
A_32_P81514	0,33	0,00015	CR593784	CR593784	full-length cDNA clone CS0DI036YE11 of Placenta Cot 25-normalized of Homo sapiens (human) [CR593784]
A_23_P97652	0,33	0,00000	GPR153	NM_207370	Homo sapiens G protein-coupled receptor 153 (GPR153), mRNA [NM_207370]
A_23_P94338	0,33	0,00007	ENPP2	NM_006209	Homo sapiens ecdonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 2 (autotaxin) (ENPP2), transcript variant 1, mRNA [NM_006209]
A_32_P156851	0,33	0,00018	DSCR1L1	NM_005822	Homo sapiens Down syndrome critical region gene 1-like 1 (DSCR1L1), mRNA [NM_005822]
A_23_P22596	0,33	0,00114	EGFL6	NM_015507	Homo sapiens EGF-like-domain, multiple 6 (EGFL6), mRNA [NM_015507]
A_23_P7402	0,33	0,00011	PDZD2	NM_178140	Homo sapiens PDZ domain containing 2 (PDZD2), mRNA [NM_178140]
A_23_P257649	0,33	0,00001	RBP1	NM_002899	Homo sapiens retinol binding protein 1, cellular (RBP1), mRNA [NM_002899]
A_23_P149992	0,33	0,00001	PDLIM1	NM_020992	Homo sapiens PDZ and LIM domain 1 (elfin) (PDLIM1), mRNA [NM_020992]
A_24_P293089	0,33	0,00000	ZNF579	NM_152600	Homo sapiens zinc finger protein 579 (ZNF579), mRNA [NM_152600]
A_23_P121657	0,33	0,00004	HS3ST1	NM_005114	Homo sapiens heparan sulfate (glucosamine) 3-O-sulfotransferase 1 (HS3ST1), mRNA [NM_005114]
A_23_P57784	0,33	0,00001	CLDN1	NM_021101	Homo sapiens claudin 1 (CLDN1), mRNA [NM_021101]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_32_P437227	0,33	0,00001	FAM84B	NM_174911	Homo sapiens family with sequence similarity 84, member B (FAM84B), mRNA [NM_174911]
A_23_P15135	0,33	0,00001	ZSCAN10	NM_032805	Homo sapiens zinc finger and SCAN domain containing 10 (ZSCAN10), mRNA [NM_032805]
A_23_P134162	0,33	0,00000	DCDC2	NM_016356	Homo sapiens doublecortin domain containing 2 (DCDC2), mRNA [NM_016356]
A_24_P673968	0,33	0,00005	ENST00000371276	ENST00000371276	Tetratricopeptide repeat protein 22 (TPR repeat protein 22) [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q5TAAQ] [ENST00000371276]
A_23_P97173	0,33	0,00182	HSD3B1	NM_000862	Homo sapiens hydroxy-delta-5-steroid dehydrogenase, 3 beta- and steroid delta-isomerase 1 (HSD3B1), mRNA [NM_000862]
A_24_P921584	0,33	0,00000	ALDOA	NM_184041	Homo sapiens aldolase A, fructose-bisphosphate (ALDOA), transcript variant 2, mRNA [NM_184041]
A_23_P103486	0,34	0,00003	CYP2J2	NM_000775	Homo sapiens cytochrome P450, family 2, subfamily J, polypeptide 2 (CYP2J2), mRNA [NM_000775]
A_24_P333364	0,34	0,00001	CENTG3	NM_001042535	Homo sapiens centaurin, gamma 3 (CENTG3), transcript variant 2, mRNA [NM_001042535]
A_23_P398566	0,34	0,00183	NR4A3	NM_173198	Homo sapiens nuclear receptor subfamily 4, group A, member 3 (NR4A3), transcript variant 2, mRNA [NM_173198]
A_23_P135271	0,34	0,00009	B4GALT1	ENST00000379731	Beta-1,4-galactosyltransferase 1 (EC 2.4.1.-) (Beta-1,4-GalTase 1) (Beta4Gal-T1) (b4Gal-T1) (UDP-galactose:beta-N-acetylglucosamine beta-1,4-galactosyltransferase 1) (UDP-Gal:beta-GlcNAc beta-1,4- galactosyltransferase 1) [Includes: Lactose synthase....]
A_23_P26468	0,34	0,00001	RHBDL1	NM_003961	Homo sapiens rhomboid, veinlet-like 1 (Drosophila) (RHBDL1), mRNA [NM_003961]
A_24_P328524	0,34	0,00001	KALRN	NM_003947	Homo sapiens kalirin, RhoGEF kinase (KALRN), transcript variant 2, mRNA [NM_003947]
A_23_P107351	0,34	0,00001	NLRP1	BC051787	Homo sapiens NLR family, pyrin domain containing 1, mRNA (cDNA clone MGC:57544 IMAGE:5756099), complete cds. [BC051787]
A_23_P50376	0,34	0,00004	ZNF331	NM_018555	Homo sapiens zinc finger protein 331 (ZNF331), transcript variant 1, mRNA [NM_018555]
A_23_P256663	0,34	0,00001	GALR3	NM_003614	Homo sapiens galanin receptor 3 (GALR3), mRNA [NM_003614]
A_23_P17663	0,34	0,00002	MX1	NM_002462	Homo sapiens myxovirus (influenza virus) resistance 1, interferon-inducible protein p78 (mouse) (MX1), mRNA [NM_002462]
A_23_P10127	0,34	0,00068	SFRP1	NM_003012	Homo sapiens secreted frizzled-related protein 1 (SFRP1), mRNA [NM_003012]
A_23_P329573	0,34	0,00010	ITGB2	NM_000211	Homo sapiens integrin, beta 2 (complement component 3 receptor 3 and 4 subunit) (ITGB2), mRNA [NM_000211]
A_32_P205637	0,34	0,00076	PARDB6B	NM_032521	Homo sapiens par-6 partitioning defective 6 homolog beta (C. elegans) (PARDB6B), mRNA [NM_032521]
A_23_P115022	0,34	0,00000	TMEM125	NM_144626	Homo sapiens transmembrane protein 125 (TMEM125), mRNA [NM_144626]
A_23_P358370	0,34	0,00010	FOXE1	NM_144626 X94553	H. sapiens HFKH4 mRNA for fork head like protein. [X94553]
A_23_P150664	0,34	0,00002	IFITM5	NM_001025295	Homo sapiens interferon induced transmembrane protein 5 (IFITM5), mRNA [NM_001025295]
A_23_P92275	0,34	0,00019	GPR156	NM_153002	Homo sapiens G protein-coupled receptor 156 (GPR156), mRNA [NM_153002]
A_23_P146885	0,34	0,00001	UTS2R	NM_018949	Homo sapiens uteroglobin 2 receptor (UTS2R), mRNA [NM_018949]
A_23_P99956	0,34	0,00000	ALDH1A2	NM_170697	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 1 family, member A2 (ALDH1A2), transcript variant 3, mRNA [NM_170697]
A_24_P368943	0,34	0,00005	EVX1	NM_001989	Homo sapiens even-skipped homeobox 1 (EVX1), mRNA [NM_001989]
A_23_P21092	0,34	0,00422	CALB2	NM_001740	Homo sapiens calbindin 2, 29kDa (calretinin) (CALB2), transcript variant CALB2, mRNA [NM_001740]
A_23_P78782	0,34	0,00000	CA11	NM_001217	Homo sapiens carbonic anhydrase XI (CA11), mRNA [NM_001217]
A_23_P20458	0,34	0,00001	NPBWR1	NM_005285	Homo sapiens neuropeptides B/W receptor 1 (NPBWR1), mRNA [NM_005285]
A_23_P66355	0,34	0,00007	ITGB4	NM_000213	Homo sapiens integrin, beta 4 (ITGB4), transcript variant 1, mRNA [NM_000213]
A_23_P61590	0,34	0,00015	RAB7B	NM_177403	Homo sapiens RAB7B, member RAS oncogene family (RAB7B), mRNA [NM_177403]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P168925	0,34	0,00066	ENST00000372045	ENST00000372045	Chordin-like protein 1 precursor (Neuralin-1) (Ventroptin) (Neurogenesis-1). [Source:Uniprot/SwissProt;Acc:Q9BU40] [ENST00000372045]
A_23_P78061	0,34	0,00003	LHX1	NM_005568	Homo sapiens LIM homeobox 1 (LHX1), mRNA [NM_005568]
A_32_P2730	0,34	0,00000	BCAN	BC005081	Homo sapiens brevican, mRNA (cDNA clone IMAGE:3618761), partial cds. [BC005081]
A_24_P115990	0,34	0,00002	AMHR2	NM_020547	Homo sapiens anti-Mullerian hormone receptor, type II (AMHR2), mRNA [NM_020547]
A_23_P54573	0,34	0,00000	ZFPM1	NM_153813	Homo sapiens zinc finger protein, multitype 1 (ZFPM1), mRNA [NM_153813]
A_23_P140450	0,34	0,00010	SLC27A2	NM_003645	Homo sapiens solute carrier family 27 (fatty acid transporter), member 2 (SLC27A2), mRNA [NM_003645]
A_23_P42353	0,34	0,00003	ETV7	NM_016135	Homo sapiens ets variant gene 7 (TEL2 oncogene) (ETV7), mRNA [NM_016135]
A_24_P321525	0,34	0,00000	RRG	NM_032918	Homo sapiens RAS-like, estrogen-regulated, growth inhibitor (RRG), mRNA [NM_032918]
A_23_P327451	0,34	0,00000	NPR3	NM_000908	Homo sapiens natriuretic peptide receptor C/guanylate cyclase C (atriatriuretic peptide receptor C) (NPR3), mRNA [NM_000908]
A_23_P102950	0,34	0,00010	TSGA2	NM_080860	Homo sapiens testis specific A2 homolog (mouse) (TSGA2), mRNA [NM_080860]
A_23_P395582	0,34	0,00000	ZFP42	NM_174900	Homo sapiens zinc finger protein 42 homolog (mouse) (ZFP42), mRNA [NM_174900]
A_23_P36825	0,35	0,00008	GPRC5A	NM_003979	Homo sapiens G protein-coupled receptor, family C, group 5, member A (GPRC5A), mRNA [NM_003979]
A_23_P306819	0,35	0,00000	SCN2B	NM_004588	Homo sapiens sodium channel, voltage-gated, type II, beta (SCN2B), mRNA [NM_004588]
A_24_P280497	0,35	0,00004	KIAA1545	AF490258	Homo sapiens XTP9 (XTP9) mRNA, complete cds. [AF490258]
A_23_P104413	0,35	0,00001	DUX4	NM_033178	Homo sapiens double homeobox, 4 (DUX4), mRNA [NM_033178]
A_23_P166248	0,35	0,00018	DSCR1	NM_004414	Homo sapiens Down syndrome critical region gene 1 (DSCR1), transcript variant 1, mRNA [NM_004414]
A_23_P44421	0,35	0,00045	HTRA4	NM_153692	Homo sapiens HtrA serine peptidase 4 (HTRA4), mRNA [NM_153692]
A_23_P109133	0,35	0,00005	AVP	NM_000490	Homo sapiens arginine vasopressin (neurophysin II, antidiuretic hormone, diabetes insipidus, neurohypophyseal) (AVP), mRNA [NM_000490]
A_23_P342612	0,35	0,00000	HCN2	NM_001194	Homo sapiens hyperpolarization activated cyclic nucleotide-gated potassium channel 2 (HCN2), mRNA [NM_001194]
A_23_P113682	0,35	0,00005	SLC34A3	NM_080877	Homo sapiens solute carrier family 34 (sodium phosphate), member 3 (SLC34A3), mRNA [NM_080877]
A_23_P118392	0,35	0,00000	RASD1	NM_016084	Homo sapiens RAS, dexamethasone-induced 1 (RASD1), mRNA [NM_016084]
A_32_P141238	0,35	0,00000	TMEM16B	NM_020373	Homo sapiens transmembrane protein 16B (TMEM16B), mRNA [NM_020373]
A_23_P100111	0,35	0,00000	CHP	NM_007236	Homo sapiens calcium binding protein P22 (CHP), mRNA [NM_007236]
A_23_P324706	0,35	0,00005	NY-REN-7	AB018295	Homo sapiens mRNA for KIAA0752 protein, partial cds. [AB018295]
A_23_P166297	0,35	0,00000	ABCG1	NM_207630	Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family G (WHITE), member 1 (ABCG1), transcript variant 1, mRNA [NM_207630]
A_23_P26294	0,35	0,00001	TPSG1	NM_012467	Homo sapiens tryptase gamma 1 (TPSG1), mRNA [NM_012467]
A_23_P156890	0,35	0,00000	TCF21	NM_003206	Homo sapiens transcription factor 21 (TCF21), transcript variant 2, mRNA [NM_003206]
A_24_P34575	0,35	0,00000	POU3F3	NM_006236	Homo sapiens POU domain, class 3, transcription factor 3 (POU3F3), mRNA [NM_006236]
A_23_P215913	0,35	0,00004	CLU	NM_203339	Homo sapiens clusterin (CLU), transcript variant 2, mRNA [NM_203339]
A_32_P29632	0,35	0,00001	CXADR	NM_001338	Homo sapiens coxsackie virus and adenovirus receptor (CXADR), mRNA [NM_001338]
A_24_P206776	0,35	0,00006	CRYAB	NM_001885	Homo sapiens crystallin, alpha B (CRYAB), mRNA [NM_001885]
A_23_P49060	0,35	0,00000	SPINT1	NM_003710	Homo sapiens serine peptidase inhibitor, Kunitz type 1 (SPINT1), transcript variant 2, mRNA [NM_003710]
A_23_P255812	0,35	0,00006	TMEM66	NM_016127	Homo sapiens transmembrane protein 66 (TMEM66), mRNA [NM_016127]
A_23_P426021	0,36	0,00006	KIAA0746	NM_015187	Homo sapiens KIAA0746 protein (KIAA0746), mRNA [NM_015187]
A_23_P13713	0,36	0,00001	PRPH	NM_006262	Homo sapiens peripherin (PRPH), mRNA [NM_006262]
A_23_P105862	0,36	0,00095	FRY	NM_023037	Homo sapiens furry homolog (Drosophila) (FRY), mRNA [NM_023037]
A_24_P221424	0,36	0,00004	ZNF784	NM_203374	Homo sapiens zinc finger protein 784 (ZNF784), mRNA [NM_203374]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P17877	0,36	0,00002	LOC339809	ENST000000331807	Homo sapiens mRNA for KIAA2012 protein. [AB095932]
A_23_P204581	0,36	0,00003	TXNRD1	NM_003330	Homo sapiens thioredoxin reductase 1 (TXNRD1), transcript variant 1, mRNA [NM_003330]
A_23_P390528	0,36	0,00000	DUSP8	NM_004420	Homo sapiens dual specificity phosphatase 8 (DUSP8), mRNA [NM_004420]
A_23_P140527	0,36	0,00003	FOXB1	NM_012182	Homo sapiens forkhead box B1 (FOXB1), mRNA [NM_012182]
A_23_P127426	0,36	0,00006	TM7SF2	NM_003273	Homo sapiens transmembrane 7 superfamily member 2 (TM7SF2), mRNA [NM_003273]
A_24_P180830	0,36	0,00001	BC070091	BC070091	Homo sapiens caspase recruitment domain family, member 9, mRNA (cDNA clone MGC:87491 IMAGE:30343821), complete cds. [BC070091]
A_23_P36018	0,36	0,00001	VSIG2	NM_014312	Homo sapiens V-set and immunoglobulin domain containing 2 (VSIG2), mRNA [NM_014312]
A_32_P153195	0,36	0,00165	ENST00000299694	ENST00000299694	BEAN protein (Fragment). [Source:Uniprot/SPTREMBL;Acc:Q3B7T3] [ENST00000299694]
A_24_P44916	0,36	0,00000	CDC42EP5	NM_145057	Homo sapiens CDC42 effector protein (Rho GTPase binding) 5 (CDC42EP5), mRNA [NM_145057]
A_24_P269101	0,36	0,00002	NEUROG1	NM_006161	Homo sapiens neurogenin 1 (NEUROG1), mRNA [NM_006161]
A_23_P356731	0,36	0,00098	FLJ31568	NM_152509	Homo sapiens FLJ31568 protein (FLJ31568), mRNA [NM_152509]
A_24_P255609	0,36	0,00001	ENST00000324745	ENST00000324745	Homo sapiens mRNA for FLJ00388 protein. [AK090467]
A_23_P375524	0,36	0,00003	LCE1D	NM_178352	Homo sapiens late cornified envelope 1D (LCE1D), mRNA [NM_178352]
A_23_P395054	0,36	0,00241	ANXA8	BC008813	Homo sapiens annexin A8, mRNA (cDNA clone MGC:10405 IMAGE:3958020), complete cds. [BC008813]
A_23_P406385	0,36	0,00158	FBXL16	NM_153350	Homo sapiens F-box and leucine-rich repeat protein 16 (FBXL16), mRNA [NM_153350]
A_23_P344555	0,36	0,00000	NEDD9	NM_006403	Homo sapiens neural precursor cell expressed, developmentally down-regulated 9 (NEDD9), transcript variant 1, mRNA [NM_006403]
A_23_P201156	0,36	0,00001	CADM3	NM_021189	Homo sapiens cell adhesion molecule 3 (CADM3), mRNA [NM_021189]
A_23_P8571	0,36	0,00003	SRCRB4D	NM_080744	Homo sapiens scavenger receptor cysteine rich domain containing, group B (4 domains) (SRCRB4D), mRNA [NM_080744]
A_23_P111506	0,36	0,00000	ENST00000342773	ENST00000342773	Homo sapiens mRNA for FLJ00248 protein. [AK074175]
A_24_P941773	0,36	0,00049	METTL7A	NM_014033	Homo sapiens methyltransferase like 7A (METTL7A), mRNA [NM_014033]
A_24_P116535	0,36	0,00001	MMP15	NM_002428	Homo sapiens matrix metalloproteinase 15 (membrane-inserted) (MMP15), mRNA [NM_002428]
A_32_P94	0,36	0,00000	LHFPL4	NM_198560	Homo sapiens lipoma HMGIC fusion partner-like 4 (LHFPL4), mRNA [NM_198560]
A_24_P124097	0,36	0,00001	FAM129B	NM_022833	Homo sapiens family with sequence similarity 129, member B (FAM129B), transcript variant 1, mRNA [NM_022833]
A_23_P250102	0,36	0,00012	CAND2	NM_012298	Homo sapiens cullin-associated and neddylation-dissociated 2 (putative) (CAND2), mRNA [NM_012298]
A_23_P38167	0,36	0,00006	GPRC5C	NM_022036	Homo sapiens G protein-coupled receptor, family C, group 5, member C (GPRC5C), transcript variant 1, mRNA [NM_022036]
A_23_P121716	0,37	0,00067	ANXA3	NM_005139	Homo sapiens annexin A3 (ANXA3), mRNA [NM_005139]
A_23_P118086	0,37	0,00008	SPATA2L	NM_152339	Homo sapiens spermatogenesis associated 2-like (SPATA2L), mRNA [NM_152339]
A_23_P67569	0,37	0,00007	PRG2	NM_024888	Homo sapiens plasticity-related gene 2 (PRG2), mRNA [NM_024888]
A_23_P347169	0,37	0,00000	MTUS1	NM_001001927	Homo sapiens mitochondrial tumor suppressor 1 (MTUS1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, transcript variant 3, mRNA [NM_001001927]
A_24_P344087	0,37	0,00023	REC8	NM_005132	Homo sapiens REC8-like 1 (yeast) (REC8L1), transcript variant 1, mRNA [NM_005132]
A_23_P324340	0,37	0,00771	DISP2	NM_033510	Homo sapiens dispatched homolog 2 (Drosophila) (DISP2), mRNA [NM_033510]
A_23_P67799	0,37	0,00044	TMEM37	NM_183240	Homo sapiens transmembrane protein 37 (TMEM37), mRNA [NM_183240]
A_23_P5370	0,37	0,00001	RPRM	NM_019845	Homo sapiens reprimo, TP53 dependent G2 arrest mediator candidate (RPRM), mRNA [NM_019845]
A_24_P406060	0,37	0,00130	IBRDC2	NM_182757	Homo sapiens IBR domain containing 2 (IBRDC2), mRNA [NM_182757]
A_23_P44436	0,37	0,00575	GKN1	NM_019617	Homo sapiens gastrokine 1 (GKN1), mRNA [NM_019617]
A_23_P14804	0,37	0,00004	TSPAN3	NM_005724	Homo sapiens tetraspanin 3 (TSPAN3), transcript variant 1, mRNA [NM_005724]
A_24_P67395	0,37	0,00018	KRT8	NM_002273	Homo sapiens keratin 8 (KRT8), mRNA [NM_002273]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P212608	0,37	0,00014	CLSTN2	NM_022131	Homo sapiens calystenien 2 (CLSTN2), mRNA [NM_022131]
A_23_P79259	0,37	0,00000	SH3BP4	NM_014521	Homo sapiens SH3-domain binding protein 4 (SH3BP4), mRNA [NM_014521]
A_24_P914134	0,37	0,00001	PRNP	NM_001080122	Homo sapiens prion protein (p27-30) (Creutzfeldt-Jakob disease, Gerstmann-Strausler-Scheinker syndrome, fatal familial insomnia) (PRNP), transcript variant 4, mRNA [NM_001080122]
A_23_P96302	0,37	0,00003	SPANXA1	NM_013453	Homo sapiens sperm protein associated with the nucleus, X-linked, family member A1 (SPANXA1), mRNA [NM_013453]
A_23_P7727	0,37	0,00000	HAPLN1	NM_001884	Homo sapiens hyaluronan and proteoglycan link protein 1 (HAPLN1), mRNA [NM_001884]
A_24_P845082	0,37	0,00024	AY090769	AY090769	Homo sapiens ribosomal protein S18/S6-like mRNA, complete sequence. [AY090769]
A_24_P105191	0,37	0,00010	HS6ST2	NM_147175	Homo sapiens heparan sulfate 6-O-sulfotransferase 2 (HS6ST2), transcript variant S, mRNA [NM_147175]
A_23_P258190	0,37	0,00590	AKR1B1	NM_001628	Homo sapiens aldo-keto reductase family 1, member B1 (aldo reductase) (AKR1B1), mRNA [NM_001628]
A_24_P14731	0,37	0,00000	PCSK1N	NM_013271	Homo sapiens proprotein convertase subtilisin/kexin type 1 inhibitor (PCSK1N), mRNA [NM_013271]
A_24_P52882	0,37	0,00012	HRK	NM_003806	Homo sapiens harakiri, BCL2 interacting protein (contains only BH3 domain) (HRK), mRNA [NM_003806]
A_23_P371835	0,37	0,00016	GATA5	NM_080473	Homo sapiens GATA binding protein 5 (GATA5), mRNA [NM_080473]
A_23_P107735	0,37	0,00005	CD79A	NM_001783	Homo sapiens CD79a molecule, immunoglobulin-associated alpha (CD79A), transcript variant 1, mRNA [NM_001783]
A_24_P53778	0,37	0,00325	ITLN2	NM_080878	Homo sapiens intelectin 2 (ITLN2), mRNA [NM_080878]
A_23_P130761	0,37	0,00009	DBP	U06936	Human albumin D-box binding protein (DBP), mRNA, complete cds. [U06936]
A_24_P403016	0,37	0,00002	ENST00000326831	ENST00000326831	Probable phospholipid-transporting ATPase VB (EC 3.6.3.1). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:O94823] [ENST00000326831]
A_24_P57898	0,37	0,00000	BHLHB4	NM_080606	Homo sapiens basic helix-loop-helix domain containing, class B, 4 (BHLHB4), mRNA [NM_080606]
A_23_P97339	0,37	0,00003	SLC16A4	NM_004696	Homo sapiens solute carrier family 16, member 4 (monocarboxylic acid transporter 5) (SLC16A4), mRNA [NM_004696]
A_23_P21929	0,37	0,00004	ADRA1B	NM_000679	Homo sapiens adrenergic, alpha-1B-, receptor (ADRA1B), mRNA [NM_000679]
A_23_P114423	0,37	0,00010	RGN	NM_004683	Homo sapiens regucalcin (senescence marker protein-30) (RGN), transcript variant 1, mRNA [NM_004683]
A_23_P349966	0,37	0,00024	TMEM130	NM_152913	Homo sapiens transmembrane protein 130 (TMEM130), mRNA [NM_152913]
A_23_P102117	0,37	0,00000	WNT10A	NM_025216	Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 10A (WNT10A), mRNA [NM_025216]
A_24_P313397	0,37	0,00002	ENST00000219169	ENST00000219169	Nuclear transport factor 2 (NTF-2) (Placental protein 15) (PP15). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P61970] [ENST00000219169]
A_24_P170983	0,38	0,00558	ESPNL	NM_194312	Homo sapiens espin-like (ESPNL), mRNA [NM_194312]
A_24_P380196	0,38	0,00000	CTNND2	NM_001332	Homo sapiens catenin (cadherin-associated protein), delta 2 (neural plakophilin-related arm-repeat protein) (CTNND2), mRNA [NM_001332]
A_23_P255331	0,38	0,00030	OSAP	NM_032623	Homo sapiens ovary-specific acidic protein (OSAP), mRNA [NM_032623]
A_23_P144656	0,38	0,00011	CDH10	NM_006727	Homo sapiens cadherin 10, type 2 (T2-cadherin) (CDH10), mRNA [NM_006727]
A_23_P255418	0,38	0,00000	SOX18	NM_018419	Homo sapiens SRY (sex determining region Y)-box 18 (SOX18), mRNA [NM_018419]
A_23_P17420	0,38	0,00000	BCAS1	NM_003657	Homo sapiens breast carcinoma amplified sequence 1 (BCAS1), mRNA [NM_003657]
A_24_P124349	0,38	0,00004	PDGFD	NM_025208	Homo sapiens platelet derived growth factor D (PDGFD), transcript variant 1, mRNA [NM_025208]
A_24_P379223	0,38	0,00000	IER5	NM_016545	Homo sapiens immediate early response 5 (IER5), mRNA [NM_016545]
A_23_P399255	0,38	0,00003	RNF182	NM_152737	Homo sapiens ring finger protein 182 (RNF182), mRNA [NM_152737]
A_24_P347854	0,38	0,00002	SYNGR2	NM_004710	Homo sapiens synaptogyrin 2 (SYNGR2), mRNA [NM_004710]
A_23_P50081	0,38	0,00039	IMPA2	NM_014214	Homo sapiens inositol(myo)-1(or 4)-monophosphatase 2 (IMPA2), mRNA [NM_014214]
A_23_P204375	0,38	0,00000	GPR92	NM_020400	Homo sapiens G protein-coupled receptor 92 (GPR92), mRNA [NM_020400]
A_24_P290481	0,38	0,00095	VIL2	NM_003379	Homo sapiens villin 2 (ezrin) (VIL2), mRNA [NM_003379]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P304489	0,38	0,00005	FAM19A5	NM_015381	Homo sapiens family with sequence similarity 19 (chemokine (C-C motif)-like), member A5 (FAM19A5), transcript variant 2, mRNA [NM_015381]
A_23_P99320	0,38	0,00256	KRT18	NM_000224	Homo sapiens keratin 18 (KRT18), transcript variant 1, mRNA [NM_000224]
A_24_P168495	0,38	0,00003	CYP4F2	NM_001082	Homo sapiens cytochrome P450, family 4, subfamily F, polypeptide 2 (CYP4F2), mRNA [NM_001082]
A_23_P257672	0,38	0,00000	LYNX1	NM_177458	Homo sapiens LYNX1/neurotoxin 1 (LYNX1), transcript variant SLURP2, mRNA [NM_177458]
A_23_P202520	0,38	0,00005	ABLIM1	NM_001003408	Homo sapiens actin binding LIM protein 1 (ABLIM1), transcript variant 3, mRNA [NM_001003408]
A_23_P55716	0,38	0,00001	BCAM	NM_005581	Homo sapiens basal cell adhesion molecule (Lutheran blood group) (BCAM), transcript variant 1, mRNA [NM_005581]
A_23_P152047	0,38	0,00012	SCAMP5	NM_138967	Homo sapiens secretory carrier membrane protein 5 (SCAMP5), mRNA [NM_138967]
A_23_P308519	0,38	0,00221	SLC9A3R1	NM_004252	Homo sapiens solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 3 regulator 1 (SLC9A3R1), mRNA [NM_004252]
A_23_P162211	0,38	0,00000	MANSC1	NM_018050	Homo sapiens MANSC domain containing 1 (MANSC1), mRNA [NM_018050]
A_23_P403335	0,38	0,00012	EXPH5	NM_015065	Homo sapiens exophillin 5 (EXPH5), mRNA [NM_015065]
A_24_P816844	0,38	0,00040	AW961597	AW961597	EST373669 MAGE resequences, MAGG Homo sapiens cDNA, mRNA sequence [AW961597]
A_32_P459533	0,38	0,00003	FCHO1	NM_015122	Homo sapiens FCH domain only 1 (FCHO1), mRNA [NM_015122]
A_23_P166269	0,38	0,00000	FAM3B	NM_058186	Homo sapiens family with sequence similarity 3, member B (FAM3B), transcript variant 1, mRNA [NM_058186]
A_23_P78265	0,38	0,00233	KRT33A	NM_004138	Homo sapiens keratin 33A (KRT33A), mRNA [NM_004138]
A_24_P163237	0,38	0,00034	STOX2	NM_020225	Homo sapiens storkhead box 2 (STOX2), mRNA [NM_020225]
A_23_P33141	0,38	0,00010	UTF1	NM_003577	Homo sapiens undifferentiated embryonic cell transcription factor 1 (UTF1), mRNA [NM_003577]
A_23_P354217	0,38	0,00001	TMEM151	NM_153266	Homo sapiens transmembrane protein 151 (TMEM151), mRNA [NM_153266]
A_23_P158297	0,38	0,00009	BTNL3	NM_197975	Homo sapiens butyrophilin-like 3 (BTNL3), transcript variant 1, mRNA [NM_197975]
A_23_P57760	0,39	0,00000	ACPL2	NM_152282	Homo sapiens acid phosphatase-like 2 (ACPL2), transcript variant 1, mRNA [NM_152282]
A_23_P208132	0,39	0,00007	BCL2	M13995	Human B-cell leukemia/lymphoma 2 (bcl-2) proto-oncogene mRNA encoding bcl-2-beta protein, complete cds. [M13995]
A_24_P921897	0,39	0,00001	HOOK1	NM_015888	Homo sapiens hook homolog 1 (Drosophila) (HOOK1), mRNA [NM_015888]
A_24_P924484	0,39	0,00018	K03200	K03200	Human melanoma-associated antigen p97 (melanotransferin) mRNA, 3' flank. [K03200]
A_23_P353865	0,39	0,00362	KRT19P2	AB041269	Homo sapiens mRNA for keratin 19, partial cds, isolate:K19-141. [AB041269]
A_23_P139527	0,39	0,00000	HPD	NM_002150	Homo sapiens 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase (HPD), mRNA [NM_002150]
A_23_P143885	0,39	0,00078	ARHGEF3	NM_019555	Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 3 (ARHGEF3), mRNA [NM_019555]
A_24_P401909	0,39	0,00003	RAB11FIP4	NM_032932	Homo sapiens RAB11 family interacting protein 4 (class II) (RAB11FIP4), mRNA [NM_032932]
A_23_P136413	0,39	0,00026	MMP17	NM_016155	Homo sapiens matrix metalloproteinase 17 (membrane-inserted) (MMP17), mRNA [NM_016155]
A_23_P153971	0,39	0,00003	SGPP2	NM_152386	Homo sapiens sphingosine-1-phosphate phosphatase 2 (SGPP2), mRNA [NM_152386]
A_23_P319583	0,39	0,00001	RIMS3	NM_014747	Homo sapiens regulating synaptic membrane exocytosis 3 (RIMS3), mRNA [NM_014747]
A_23_P163992	0,39	0,00000	GRB7	NM_005310	Homo sapiens growth factor receptor-bound protein 7 (GRB7), transcript variant 1, mRNA [NM_005310]
A_32_P465742	0,39	0,00011	PIP5K1B	NM_003558	Homo sapiens phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, type I, beta (PIP5K1B), transcript variant 2, mRNA [NM_003558]
A_23_P20832	0,39	0,00001	SPTAN1	NM_003127	Homo sapiens spectrin, alpha, non-erythrocytic 1 (alpha-fodrin) (SPTAN1), mRNA [NM_003127]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P419028	0,39	0,00006	MOP-1	AB014771	Homo sapiens mRNA for MOP-1, complete cds. [AB014771]
A_23_P48455	0,39	0,00003	AMN	NM_030943	Homo sapiens amnionless homolog (mouse) (AMN), mRNA [NM_030943]
A_24_P243528	0,39	0,00004	HLA-DPA1	NM_033554	Homo sapiens major histocompatibility complex, class II, DP alpha 1 (HLA-DPA1), mRNA [NM_033554]
A_23_P213415	0,39	0,00017	SEMA5A	NM_003966	Homo sapiens sema domain, seven thrombospondin repeats (type 1 and type 1-like), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic domain, (semaphorin) 5A (SEMA5A), mRNA [NM_003966]
A_23_P98335	0,39	0,00000	CDON	NM_016952	Homo sapiens Cdon homolog (mouse) (CDON), mRNA [NM_016952]
A_24_P159227	0,39	0,00002	PAK6	NM_020168	Homo sapiens p21(CDKN1A)-activated kinase 6 (PAK6), mRNA [NM_020168]
A_24_P118196	0,39	0,00014	GLT8D4	NM_001080393	Homo sapiens similar to CG9996-PA (LOC727936), mRNA [NM_001080393]
A_24_P165423	0,39	0,00837	RBP7	NM_052960	Homo sapiens retinol binding protein 7, cellular (RBP7), mRNA [NM_052960]
A_23_P215900	0,39	0,00007	SCARA3	NM_016240	Homo sapiens scavenger receptor class A, member 3 (SCARA3), transcript variant 1, mRNA [NM_016240]
A_23_P344125	0,39	0,00001	THSD3	NM_199265	Homo sapiens thrombospondin, type I, domain containing 3 (THSD3), transcript variant 2, mRNA [NM_199265]
A_23_P208991	0,39	0,00001	PALM	NM_002579	Homo sapiens paralemmmin (PALM), transcript variant 1, mRNA [NM_002579]
A_24_P256219	0,40	0,00452	MAF	AF055376	Homo sapiens short form transcription factor C-MAF (c-maf) mRNA, complete cds. [AF055376]
A_23_P51187	0,40	0,00011	PRKCZ	NM_002744	Homo sapiens protein kinase C, zeta (PRKCZ), transcript variant 1, mRNA [NM_002744]
A_23_P331049	0,40	0,00073	DPYSL4	NM_006426	Homo sapiens dihydropyrimidinase-like 4 (DPYSL4), mRNA [NM_006426]
A_24_P393449	0,40	0,00000	DAPK1	NM_004938	Homo sapiens death-associated protein kinase 1 (DAPK1), mRNA [NM_004938]
A_23_P10647	0,40	0,00296	CYTL1	NM_018659	Homo sapiens cytokine-like 1 (CYTL1), mRNA [NM_018659]
A_23_P38271	0,40	0,00007	MYH2	NM_017534	Homo sapiens myosin, heavy chain 2, skeletal muscle, adult (MYH2), mRNA [NM_017534]
A_24_P166126	0,40	0,00102	MYOZ2	NM_016599	Homo sapiens myozenin 2 (MYOZ2), mRNA [NM_016599]
A_23_P80040	0,40	0,00047	PROCR	NM_006404	Homo sapiens protein C receptor, endothelial (EPCR) (PROCR), mRNA [NM_006404]
A_23_P163697	0,40	0,00000	SYT17	NM_016524	Homo sapiens synaptotagmin XVII (SYT17), mRNA [NM_016524]
A_23_P11005	0,40	0,00017	ADAMTS7	NM_014272	Homo sapiens ADAM metalloproteinase with thrombospondin type 1 motif, 7 (ADAMTS7), mRNA [NM_014272]
A_32_P83997	0,40	0,00002	RTN3	NM_201430	Homo sapiens reticulon 3 (RTN3), transcript variant 4, mRNA [NM_201430]
A_23_P402123	0,40	0,00001	TAS2R1	NM_019599	Homo sapiens taste receptor, type 2, member 1 (TAS2R1), mRNA [NM_019599]
A_24_P11384	0,40	0,00000	ERF1	NM_018948	Homo sapiens ERBB receptor feedback inhibitor 1 (ERF1), mRNA [NM_018948]
A_23_P501822	0,40	0,00003	JUP	NM_002230	Homo sapiens junction plakoglobin (JUP), transcript variant 1, mRNA [NM_002230]
A_23_P344884	0,40	0,00003	KIAA1394	BC036557	Homo sapiens KIAA1394 protein, mRNA (cDNA clone IMAGE:4310128), complete cds. [BC036557]
A_23_P256312	0,40	0,00033	MST1R	NM_002447	Homo sapiens macrophage stimulating 1 receptor (c-met-related tyrosine kinase) (MST1R), mRNA [NM_002447]
A_32_P107372	0,40	0,00001	GBP1	NM_002053	Homo sapiens guanylate binding protein 1, interferon-inducible, 67kDa (GBP1), mRNA [NM_002053]
A_32_P107876	0,40	0,00017	FRAS1	NM_025074	Homo sapiens Fraser syndrome 1 (FRAS1), mRNA [NM_025074]
A_24_P140405	0,40	0,00000	ADAMTS3	NM_014243	Homo sapiens ADAM metalloproteinase with thrombospondin type 1 motif, 3 (ADAMTS3), mRNA [NM_014243]
A_23_P52161	0,40	0,00023	NUAK2	NM_030952	Homo sapiens NUAK family, SNF1-like kinase, 2 (NUAK2), mRNA [NM_030952]
A_32_P211708	0,40	0,00005	FZD3	ENST00000380239	Frizzled-3 precursor (Fz-3) (hFz3), [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q9NPG1] [ENST00000380239]
A_24_P912799	0,40	0,00094	SEMA5A	ENST00000382496	Semaphorin-5A precursor (Semaphorin F) (Sema F), [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q13591] [ENST00000382496]
A_23_P27035	0,40	0,00007	TMEM98	NM_015544	Homo sapiens transmembrane protein 98 (TMEM98), transcript variant 1, mRNA [NM_015544]
A_23_P8253	0,40	0,00000	RAET1E	NM_139165	Homo sapiens retinoic acid early transcript 1E (RAET1E), mRNA [NM_139165]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P56689	0,40	0,00000	ZNF205	NM_003456	Homo sapiens zinc finger protein 205 (ZNF205), transcript variant 1, mRNA [NM_003456]
A_23_P32279	0,41	0,00019	BARX1	NM_021570	Homo sapiens BarH-like homeobox 1 (BARX1), mRNA [NM_021570]
A_23_P90339	0,41	0,00002	SF3A2	NM_007165	Homo sapiens splicing factor 3a, subunit 2, 66kDa (SF3A2), mRNA [NM_007165]
A_23_P158829	0,41	0,00002	ARRB2	NM_004313	Homo sapiens arrestin, beta 2 (ARRB2), transcript variant 1, mRNA [NM_004313]
A_23_P154037	0,41	0,00046	AOX1	NM_001159	Homo sapiens aldehyde oxidase 1 (AOX1), mRNA [NM_001159]
A_23_P124514	0,41	0,00000	DLG2	NM_001364	Homo sapiens discs, large homolog 2, chapsyn-110 (Drosophila) (DLG2), mRNA [NM_001364]
A_24_P82358	0,41	0,00032	FOXC2	NM_005251	Homo sapiens forkhead box C2 (MFH-1, mesenchyme forkhead 1) (FOXC2), mRNA [NM_005251]
A_24_P385134	0,41	0,00004	SCD5	NM_001037582	Homo sapiens stearoyl-CoA desaturase 5 (SCD5), transcript variant 1, mRNA [NM_001037582]
A_23_P132760	0,41	0,00000	TRH	NM_007117	Homo sapiens thyrotropin-releasing hormone (TRH), mRNA [NM_007117]
A_23_P162640	0,41	0,00062	GABARAPL1	NM_031412	Homo sapiens GABA(A) receptor-associated protein like 1 (GABARAPL1), mRNA [NM_031412]
A_23_P85441	0,41	0,00043	IGSF9	NM_020789	Homo sapiens immunoglobulin superfamily, member 9 (IGSF9), mRNA [NM_020789]
A_23_P434212	0,41	0,00263	SULT1A1	NM_177529	Homo sapiens sulfotransferase family, cytosolic, 1A, phenol-prefering, member 1 (SULT1A1), transcript variant 2, mRNA [NM_177529]
A_23_P126075	0,41	0,00000	KCNK1	NM_002245	Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 1 (KCNK1), mRNA [NM_002245]
A_24_P213944	0,41	0,00000	HEPACAM	ENST00000298251	hepatocyte cell adhesion molecule [Source:RefSeq_peptide;Acc:NP_689935] [ENST00000298251]
A_23_P104741	0,41	0,00014	KIRREL3	ENST00000278934	Kin of IRRE-like protein 3 precursor (Kin of irregular chiasm-like protein 3) (Nephrin-like 2), [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q8JZU9] [ENST00000278934]
A_23_P500271	0,41	0,00004	IRF5	NM_002200	Homo sapiens interferon regulatory factor 5 (IRF5), transcript variant 1, mRNA [NM_002200]
A_23_P155453	0,41	0,00006	UCN2	NM_033199	Homo sapiens urocortin 2 (UCN2), mRNA [NM_033199]
A_23_P325498	0,41	0,00018	PCDHA8	NM_031856	Homo sapiens protocadherin alpha 8 (PCDHA8), transcript variant 2, mRNA [NM_031856]
A_23_P119562	0,41	0,00004	CFD	NM_001928	Homo sapiens complement factor D (adipsin) (CFD), mRNA [NM_001928]
A_32_P204795	0,41	0,00619	ENST00000299997	ENST00000299997	MGC9913 protein. [Source:Uniprot/SPTREMBL;Acc:Q96HF5] [ENST00000299997]
A_24_P59667	0,41	0,00148	JAK3	BC028068	Homo sapiens Janus kinase 3 (a protein tyrosine kinase, leukocyte), mRNA (cDNA clone MGC:39993 IMAGE:5212575), complete cds. [BC028068]
A_24_P218688	0,41	0,00002	ALDH3B1	NM_000694	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 3 family, member B1 (ALDH3B1), transcript variant 1, mRNA [NM_000694]
A_23_P151895	0,41	0,00001	CILP	NM_003613	Homo sapiens cartilage intermediate layer protein, nucleotide pyrophosphohydrolase (CILP), mRNA [NM_003613]
A_23_P8834	0,41	0,00001	EPHX2	NM_001979	Homo sapiens epoxide hydrolase 2, cytoplasmic (EPHX2), mRNA [NM_001979]
A_24_P390928	0,41	0,00002	TRAPPC6A	NM_024108	Homo sapiens trafficking protein particle complex 6A (TRAPPC6A), mRNA [NM_024108]
A_24_P19410	0,41	0,00001	CBX7	NM_175709	Homo sapiens chromobox homolog 7 (CBX7), mRNA [NM_175709]
A_23_P109072	0,41	0,00223	SALL4	NM_020436	Homo sapiens sal-like 4 (Drosophila) (SALL4), mRNA [NM_020436]
A_23_P170037	0,41	0,00008	MID1	NM_033290	Homo sapiens midline 1 (Opitz/BBB syndrome) (MID1), transcript variant 3, mRNA [NM_033290]
A_23_P129005	0,42	0,00000	KIAA1305	NM_025081	Homo sapiens KIAA1305 (KIAA1305), mRNA [NM_025081]
A_23_P170186	0,42	0,00005	OPLAH	NM_017570	Homo sapiens 5-oxoprolinase (ATP-hydrolysing) (OPLAH), mRNA [NM_017570]
A_32_P140268	0,42	0,00001	KCND3	ENST00000369697	Potassium voltage-gated channel subfamily D member 3 (Voltage-gated potassium channel subunit Kv4.3), [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q9UK17] [ENST00000369697]
A_24_P399454	0,42	0,00002	EXOC3L2	NM_138568	Homo sapiens exocyst complex component 3-like 2 (EXOC3L2), mRNA [NM_138568]
A_24_P382187	0,42	0,00060	IGFBP4	NM_001552	Homo sapiens insulin-like growth factor binding protein 4 (IGFBP4), mRNA [NM_001552]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P109122	0,42	0,00002	RP5-860F19.3	BC054347	Homo sapiens KIAA1442 protein, mRNA (cDNA clone IMAGE:5502800), complete cds. [BC054347]
A_23_P86100	0,42	0,00010	KARCA1	NM_001007255	Homo sapiens kelch/ankyrin repeat containing cyclin A1 interacting protein (KARCA1), transcript variant 2, mRNA [NM_001007255]
A_23_P168532	0,42	0,00004	FSCN1	NM_003088	Homo sapiens fascin homolog 1, actin-bundling protein (Strongylocentrotus purpuratus) (FSCN1), mRNA [NM_003088]
A_23_P154643	0,42	0,00000	BMP7	ENST00000371291	Bone morphogenetic protein 7 precursor (BMP-7) (Osteogenic protein 1) (OP-1) (Eptotermin alfa). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P18075] [ENST00000371291]
A_24_P148796	0,42	0,00004	MST1	NM_020998	Homo sapiens macrophage stimulating 1 (hepatocyte growth factor-like) (MST1), mRNA [NM_020998]
A_23_P41804	0,42	0,00000	NKD2	NM_033120	Homo sapiens naked cuticle homolog 2 (Drosophila) (NKD2), mRNA [NM_033120]
A_23_P256158	0,42	0,00006	ADRA2C	NM_000683	Homo sapiens adrenergic, alpha-2C-, receptor (ADRA2C), mRNA [NM_000683]
A_23_P421401	0,42	0,00289	PDGFRB	NM_002609	Homo sapiens platelet-derived growth factor receptor, beta polypeptide (PDGFRB), mRNA [NM_002609]
A_23_P381945	0,42	0,00632	KRT7	NM_005556	Homo sapiens keratin 7 (KRT7), mRNA [NM_005556]
A_23_P101193	0,42	0,00452	MYO5B	NM_001080467	Homo sapiens myosin VB (MYO5B), mRNA [NM_001080467]
A_23_P38085	0,42	0,00045	CARHSP1	NM_014316	Homo sapiens calcium regulated heat stable protein 1, 24kDa (CARHSP1), transcript variant 1, mRNA [NM_014316]
A_23_P39185	0,42	0,00005	RDH13	NM_138412	Homo sapiens retinol dehydrogenase 13 (all-trans/9-cis) (RDH13), mRNA [NM_138412]
A_32_P167856	0,42	0,00015	CTAGE4	AF338232	Homo sapiens CTAGE-4 protein mRNA, complete cds. [AF338232]
A_23_P24903	0,42	0,00002	P2RY2	NM_176072	Homo sapiens purinergic receptor P2Y, G-protein coupled, 2 (P2RY2), transcript variant 1, mRNA [NM_176072]
A_23_P207967	0,42	0,00004	KIAA0427	NM_014772	Homo sapiens KIAA0427 (KIAA0427), mRNA [NM_014772]
A_24_P149266	0,42	0,00000	PACSN1	NM_020804	Homo sapiens protein kinase C and casein kinase substrate in neurons 1 (PACSN1), mRNA [NM_020804]
A_23_P108404	0,43	0,00029	CENTG2	NM_014914	Homo sapiens centaurin, gamma 2 (CENTG2), transcript variant 2, mRNA [NM_014914]
A_24_P478362	0,43	0,00035	NP511100	NP511100	GB AB065467.1 BAC05726.1 seven transmembrane helix receptor [Homo sapiens] [NP511100]
A_24_P179225	0,43	0,00009	MATN2	NM_030583	Homo sapiens matrilin 2 (MATN2), transcript variant 2, mRNA [NM_030583]
A_23_P60146	0,43	0,00003	PDGFRL	NM_006207	Homo sapiens platelet-derived growth factor receptor-like (PDGFRL), mRNA [NM_006207]
A_23_P85453	0,43	0,00003	CD244	NM_016382	Homo sapiens CD244 molecule, natural killer cell receptor 2B4 (CD244), mRNA [NM_016382]
A_23_P38505	0,43	0,00023	CXCL16	NM_022059	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 16 (CXCL16), mRNA [NM_022059]
A_23_P163087	0,43	0,00087	NID2	NM_007361	Homo sapiens nidogen 2 (osteonidogen) (NID2), mRNA [NM_007361]
A_23_P43763	0,43	0,00000	PLLP	NM_015993	Homo sapiens transmembrane 4 superfamily member 11 (plasmolipin) (TM4SF11), mRNA [NM_015993]
A_24_P24819	0,43	0,00004	AGRN	NM_198576	Homo sapiens agrin (AGRN), mRNA [NM_198576]
A_23_P154605	0,43	0,00434	SULF2	NM_018837	Homo sapiens sulfatase 2 (SULF2), transcript variant 1, mRNA [NM_018837]
A_23_P113005	0,43	0,00034	EFNA1	NM_004428	Homo sapiens ephrin-A1 (EFNA1), transcript variant 1, mRNA [NM_004428]
A_23_P126825	0,43	0,00006	SLC16A1	NM_003051	Homo sapiens solute carrier family 16, member 1 (monocarboxylic acid transporter 1) (SLC16A1), mRNA [NM_003051]
A_23_P147665	0,43	0,00001	OLFML1	NM_198474	Homo sapiens olfactomedin-like 1 (OLFML1), mRNA [NM_198474]
A_23_P8539	0,43	0,00021	DAGLB	NM_139179	Homo sapiens diacylglycerol lipase, beta (DAGLB), mRNA [NM_139179]
A_23_P217326	0,43	0,00003	FHL1	NM_001449	Homo sapiens four and a half LIM domains 1 (FHL1), mRNA [NM_001449]
A_23_P154771	0,43	0,00005	DUSP15	NM_080611	Homo sapiens dual specificity phosphatase 15 (DUSP15), transcript variant 1, mRNA [NM_080611]
A_24_P579356	0,43	0,00003	ARHGAP28	NM_001010000	Homo sapiens Rho GTPase activating protein 28 (ARHGAP28), transcript variant 1, mRNA [NM_001010000]
A_24_P213161	0,43	0,00263	NLRP2	NM_017852	Homo sapiens NLR family, pyrin domain containing 2 (NLRP2), mRNA [NM_017852]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P84670	0,43	0,00006	GRIN1	NM_021569	Homo sapiens glutamate receptor, ionotropic, N-methyl D-aspartate 1 (GRIN1), transcript variant NR1-2, mRNA [NM_021569]
A_23_P254594	0,43	0,00005	GNRH1	NM_000825	Homo sapiens gonadotropin-releasing hormone 1 (luteinizing-releasing hormone) (GNRH1), transcript variant 1, mRNA [NM_000825]
A_23_P84849	0,43	0,00023	CACNA1B	M94173	Human N-type calcium channel alpha-1 subunit mRNA, complete cds. [M94173]
A_23_P500410	0,43	0,00000	ATP6V1G2	NM_130463	Homo sapiens ATPase, H+ transporting, lysosomal 13kDa, V1 subunit G2 (ATP6V1G2), transcript variant 1, mRNA [NM_130463]
A_23_P331813	0,43	0,00001	ZNF687	NM_020832	Homo sapiens zinc finger protein 687 (ZNF687), mRNA [NM_020832]
A_23_P135294	0,43	0,00098	ALDH1B1	NM_000692	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 1 family, member B1 (ALDH1B1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_000692]
A_23_P74619	0,43	0,00014	SELENBP1	NM_003944	Homo sapiens selenium binding protein 1 (SELENBP1), mRNA [NM_003944]
A_23_P106773	0,43	0,00052	SULT1A2	NM_177528	Homo sapiens sulfotransferase family, cytosolic, 1A, phenol-preferring, member 2 (SULT1A2), transcript variant 2, mRNA [NM_177528]
A_23_P339119	0,43	0,00006	FLJ21963	NM_024560	Homo sapiens FLJ21963 protein (FLJ21963), mRNA [NM_024560]
A_23_P93772	0,43	0,00001	HOXA5	NM_019102	Homo sapiens homeobox A5 (HOXA5), mRNA [NM_019102]
A_24_P169073	0,43	0,00045	FAM131C	NM_182623	Homo sapiens family with sequence similarity 131, member C (FAM131C), mRNA [NM_182623]
A_23_P23947	0,43	0,00035	MAP3K8	NM_005204	Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 8 (MAP3K8), mRNA [NM_005204]
A_24_P4705	0,43	0,00013	PPME1	NM_016147	Homo sapiens protein phosphatase methyltransferase 1 (PPME1), mRNA [NM_016147]
A_24_P75183	0,43	0,00002	TEPP	NM_199456	Homo sapiens testis/prostate/placenta-expressed protein (TEPP), transcript variant 2, mRNA [NM_199456]
A_23_P53668	0,43	0,00000	NFYB	NM_006166	Homo sapiens nuclear transcription factor Y, beta (NFYB), mRNA [NM_006166]
A_23_P24433	0,43	0,00029	CTSF	NM_003793	Homo sapiens cathepsin F (CTSF), mRNA [NM_003793]
A_32_P107746	0,43	0,00001	ENSA	NM_207042	Homo sapiens endosulfine alpha (ENSA), transcript variant 1, mRNA [NM_207042]
A_23_P154786	0,43	0,00001	MAP1LC3A	NM_032514	Homo sapiens microtubule-associated protein 1 light chain 3 alpha (MAP1LC3A), transcript variant 1, mRNA [NM_032514]
A_23_P254688	0,43	0,00000	TMEM108	NM_023943	Homo sapiens transmembrane protein 108 (TMEM108), mRNA [NM_023943]
A_23_P167168	0,43	0,00318	IGJ	NM_144646	Homo sapiens immunoglobulin J polypeptide, linker protein for immunoglobulin alpha and mu polypeptides (IGJ), mRNA [NM_144646]
A_24_P10890	0,44	0,00001	PRR5	NM_015366	Homo sapiens proline rich 5 (renal) (PRR5), transcript variant 2, mRNA [NM_015366]
A_23_P340131	0,44	0,00000	PRSS16	NM_005865	Homo sapiens protease, serine, 16 (thymus) (PRSS16), mRNA [NM_005865]
A_23_P208900	0,44	0,00028	SEMA6B	NM_032108	Homo sapiens sema domain, transmembrane domain (TM), and cytoplasmic domain, (semaphorin) 6B (SEMA6B), transcript variant SEMA6B.3, mRNA [NM_032108]
A_23_P111132	0,44	0,00021	HSPA1A	NM_005345	Homo sapiens heat shock 70kDa protein 1A (HSPA1A), mRNA [NM_005345]
A_23_P209944	0,44	0,00094	RETSAT	NM_017750	Homo sapiens retinol saturase (all-trans-retinol 13,14-reductase) (RETSAT), mRNA [NM_017750]
A_23_P122852	0,44	0,00002	SMARCD3	NM_003078	Homo sapiens SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily d, member 3 (SMARCD3), transcript variant 2, mRNA [NM_003078]
A_24_P14257	0,44	0,00013	OPA3	NM_025136	Homo sapiens optic atrophy 3 (autosomal recessive, with chorea and spastic paraplegia) (OPA3), transcript variant 2, mRNA [NM_025136]
A_23_P92042	0,44	0,00014	ITPR1	NM_002222	Homo sapiens inositol 1,4,5-trisphosphate receptor, type 1 (ITPR1), mRNA [NM_002222]
A_23_P370666	0,44	0,00001	GLYATL1	NM_080661	Homo sapiens glycine-N-acyltransferase-like 1 (GLYATL1), mRNA [NM_080661]
A_23_P205519	0,44	0,00004	ABHD4	NM_022060	Homo sapiens abhydrolase domain containing 4 (ABHD4), mRNA [NM_022060]
A_32_P64570	0,44	0,00006	ANKRD15	NM_153186	Homo sapiens ankyrin repeat domain 15 (ANKRD15), transcript variant 2, mRNA [NM_153186]
A_24_P237778	0,44	0,00007	MAN1C1	NM_020379	Homo sapiens mannosidase, alpha, class 1C, member 1 (MAN1C1), mRNA [NM_020379]
A_24_P57631	0,44	0,00004	GPC3	NM_004484	Homo sapiens glypican 3 (GPC3), mRNA [NM_004484]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P259833	0,44	0,0000	PIK3CD	NM_005026	Homo sapiens phosphoinositide-3-kinase, catalytic, delta polypeptide (PIK3CD), mRNA [NM_005026]
A_23_P59582	0,44	0,00002	SEMA3E	NM_012431	Homo sapiens sema domain, immunoglobulin domain (Ig), short basic domain, secreted, (semaphorin) 3E (SEMA3E), mRNA [NM_012431]
A_23_P201939	0,44	0,00002	PPM1J	NM_005167	Homo sapiens protein phosphatase 1J (PP2C domain containing) (PPM1J), mRNA [NM_005167]
A_23_P129829	0,44	0,00000	ORMDL3	NM_139280	Homo sapiens ORM1-like 3 (S. cerevisiae) (ORMDL3), mRNA [NM_139280]
A_24_P87763	0,44	0,00032	EEF2	NM_001961	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 2 (EEF2), mRNA [NM_001961]
A_24_P6227	0,44	0,00011	FAM120C	NM_017848	Homo sapiens family with sequence similarity 120C (FAM120C), mRNA [NM_017848]
A_24_P317762	0,44	0,00002	LY6E	NM_002346	Homo sapiens lymphocyte antigen 6 complex, locus E (LY6E), mRNA [NM_002346]
A_23_P204947	0,44	0,00024	GJB2	NM_004004	Homo sapiens gap junction protein, beta 2, 26kDa (GJB2), mRNA [NM_004004]
A_23_P53162	0,44	0,00000	STIM1	NM_003156	Homo sapiens stromal interaction molecule 1 (STIM1), mRNA [NM_003156]
A_23_P251151	0,44	0,00002	NELL1	NM_006157	Homo sapiens NEL-like 1 (chicken) (NELL1), mRNA [NM_006157]
A_23_P128773	0,44	0,00023	CTAGE5	NM_203356	Homo sapiens CTAGE family, member 5 (CTAGE5), transcript variant 4, mRNA [NM_203356]
A_23_P31810	0,44	0,00121	CEBPD	NM_005195	Homo sapiens CCAAT/enhancer binding protein (C/EBP), delta (CEBPD), mRNA [NM_005195]
A_23_P167401	0,45	0,00067	PCDHB11	NM_018931	Homo sapiens protocadherin beta 11 (PCDHB11), mRNA [NM_018931]
A_24_P61537	0,45	0,00001	CKB	NM_001823	Homo sapiens creatine kinase, brain (CKB), mRNA [NM_001823]
A_24_P349264	0,45	0,00002	KRT80	NM_182507	Homo sapiens keratin 80 (KRT80), transcript variant 1, mRNA [NM_182507]
A_23_P113317	0,45	0,00001	PH-4	NM_017732	Homo sapiens hypoxia-inducible factor prolyl 4-hydroxylase (PH-4), transcript variant 2, mRNA [NM_017732]
A_23_P40548	0,45	0,00002	YPEL1	NM_013313	Homo sapiens yippee-like 1 (Drosophila) (YPEL1), mRNA [NM_013313]
A_23_P168771	0,45	0,00013	KIAA1505	NM_020879	Homo sapiens KIAA1505 protein (KIAA1505), mRNA [NM_020879]
A_23_P303891	0,45	0,00006	LCE1C	NM_178351	Homo sapiens late cornified envelope 1C (LCE1C), mRNA [NM_178351]
A_24_P173727	0,45	0,00084	PEX10	NM_002617	Homo sapiens peroxisome biogenesis factor 10 (PEX10), transcript variant 2, mRNA [NM_002617]
A_24_P295590	0,45	0,00007	RASSF4	NM_032023	Homo sapiens Ras association (RaGDS/AF-6) domain family 4 (RASSF4), mRNA [NM_032023]
A_23_P62901	0,45	0,00000	BTG2	NM_006763	Homo sapiens BTG family, member 2 (BTG2), mRNA [NM_006763]
A_23_P52657	0,45	0,00001	PYGM	ENST00000377444	Glycogen phosphorylase, muscle form (EC 2.4.1.1) (Myophosphorylase). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P11217] [ENST00000377444]
A_24_P303091	0,45	0,00000	CXCL10	NM_001565	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) ligand 10 (CXCL10), mRNA [NM_001565]
A_24_P113815	0,45	0,00012	SLC35E2	NM_182838	Homo sapiens solute carrier family 35, member E2 (SLC35E2), mRNA [NM_182838]
A_23_P66454	0,45	0,00028	GSDML	NM_018530	Homo sapiens gasdermin-like (GSDML), transcript variant 2, mRNA [NM_018530]
A_23_P109034	0,45	0,00005	SDC4	NM_002999	Homo sapiens syndecan 4 (SDC4), mRNA [NM_002999]
A_32_P226205	0,45	0,00018	ZFHX2	AB051549	Homo sapiens mRNA for KIAA1762 protein, partial cds. [AB051549]
A_23_P57961	0,45	0,00025	PLXNB1	NM_002673	Homo sapiens plexin B1 (PLXNB1), mRNA [NM_002673]
A_24_P151920	0,45	0,00011	TMEM97	NM_014573	Homo sapiens transmembrane protein 97 (TMEM97), mRNA [NM_014573]
A_23_P46560	0,45	0,00001	FOXD3	NM_012183	Homo sapiens forkhead box D3 (FOXD3), mRNA [NM_012183]
A_23_P81392	0,45	0,00420	WWC1	NM_015238	Homo sapiens WW and C2 domain containing 1 (WWC1), mRNA [NM_015238]
A_23_P139912	0,45	0,00025	IGFBP6	NM_002178	Homo sapiens insulin-like growth factor binding protein 6 (IGFBP6), mRNA [NM_002178]
A_23_P48585	0,45	0,00113	SALL2	NM_005407	Homo sapiens sal-like 2 (Drosophila) (SALL2), mRNA [NM_005407]
A_24_P94402	0,45	0,00001	MYCN	NM_005378	Homo sapiens v-myc myelocytomatosis viral related oncogene, neuroblastoma derived (avian) (MYCN), mRNA [NM_005378]
A_24_P203315	0,45	0,00107	CNIH2	NM_182553	Homo sapiens cornichon homolog 2 (Drosophila) (CNIH2), mRNA [NM_182553]
A_23_P91446	0,45	0,00000	MMP24	NM_006690	Homo sapiens matrix metalloproteinase 24 (membrane-inserted) (MMP24), mRNA [NM_006690]
A_23_P339818	0,45	0,00044	ARRDC4	NM_183376	Homo sapiens arrestin domain containing 4 (ARRDC4), mRNA [NM_183376]
A_32_P84373	0,45	0,00003	NY-REN-7	NM_173663	Homo sapiens NY-REN-7 antigen (NY-REN-7), mRNA [NM_173663]
A_24_P30257	0,45	0,00003	MYOD1	NM_002478	Homo sapiens myogenic differentiation 1 (MYOD1), mRNA [NM_002478]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P134744	0,45	0,00093	RNF122	NM_024787	Homo sapiens ring finger protein 122 (RNF122), mRNA [NM_024787]
A_23_P343671	0,45	0,00000	FOSL2	ENST00000379616	Fos-related antigen 2. [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P15408] [ENST00000379616]
A_23_P28707	0,45	0,00001	OGFR	NM_007346	Homo sapiens opioid growth factor receptor (OGFR), mRNA [NM_007346]
A_32_P150632	0,45	0,00000	ANXA11	ENST00000360615	Annexin A11 (Annexin XI) (Calcyclin-associated annexin 50) (CAP-50) (56 kDa autoantigen). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P50995] [ENST00000360615]
A_23_P95130	0,45	0,00000	SLC37A3	NM_207113	Homo sapiens solute carrier family 37 (glycerol-3-phosphate transporter), member 3 (SLC37A3), transcript variant 1, mRNA [NM_207113]
A_23_P161507	0,46	0,00023	MTL5	NM_004923	Homo sapiens metallothionein-like 5, testis-specific (tesmin) (MTL5), transcript variant 1, mRNA [NM_004923]
A_24_P357465	0,46	0,00001	TP53INP2	NM_021202	Homo sapiens tumor protein p53 inducible nuclear protein 2 (TP53INP2), mRNA [NM_021202]
A_23_P201319	0,46	0,00025	DISP1	NM_032890	Homo sapiens dispatched homolog 1 (Drosophila) (DISP1), mRNA [NM_032890]
A_23_P85598	0,46	0,00000	CABC1	NM_020247	Homo sapiens chaperone, ABC1 activity of bc1 complex homolog (S. pombe) (CABC1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_020247]
A_23_P77328	0,46	0,00011	GCHFR	NM_005258	Homo sapiens GTP cyclohydrolase I feedback regulator (GCHFR), mRNA [NM_005258]
A_23_P379475	0,46	0,00002	DHCR24	NM_014762	Homo sapiens 24-dehydrocholesterol reductase (DHCR24), mRNA [NM_014762]
A_24_P356373	0,46	0,00005	HAGHL	NM_032304	Homo sapiens hydroxyacylglutathione hydrolase-like (HAGHL), transcript variant 2, mRNA [NM_032304]
A_23_P405815	0,46	0,00001	PYGM	NM_005609	Homo sapiens phosphorylase, glycogen; muscle (McArdle syndrome, glycogen storage disease type V) (PYGM), mRNA [NM_005609]
A_24_P373096	0,46	0,00000	TGFB3	NM_003239	Homo sapiens transforming growth factor, beta 3 (TGFB3), mRNA [NM_003239]
A_24_P251040	0,46	0,00001	ARTN	NM_057091	Homo sapiens artemin (ARTN), transcript variant 2, mRNA [NM_057091]
A_32_P517749	0,46	0,00002	RPS6KA3	NM_004586	Homo sapiens ribosomal protein S6 kinase, 90kDa, polypeptide 3 (RPS6KA3), mRNA [NM_004586]
A_23_P318486	0,46	0,00004	ATAD3C	NM_001039211	Homo sapiens ATPase family, AAA domain containing 3C (ATAD3C), mRNA [NM_001039211]
A_23_P211273	0,46	0,00001	TMPRSS3	NM_032401	Homo sapiens transmembrane protease, serine 3 (TMPRSS3), transcript variant B, mRNA [NM_032401]
A_24_P62367	0,46	0,00026	DLGAP1	NM_004746	Homo sapiens discs, large (Drosophila) homolog-associated protein 1 (DLGAP1), transcript variant alpha, mRNA [NM_004746]
A_23_P101829	0,46	0,00000	EDG4	NM_004720	Homo sapiens endothelial differentiation, lysophosphatidic acid G-protein-coupled receptor, 4 (EDG4), mRNA [NM_004720]
A_23_P136355	0,46	0,00002	HHAT	NM_018194	Homo sapiens hedgehog acyltransferase (HHAT), mRNA [NM_018194]
A_23_P10025	0,46	0,00000	NELL2	NM_006159	Homo sapiens NEL-like 2 (chicken) (NELL2), mRNA [NM_006159]
A_23_P127911	0,46	0,00231	DKFZP586H2123	NM_015430	Homo sapiens regeneration associated muscle protease (DKFZP586H2123), transcript variant 1, mRNA [NM_015430]
A_23_P75283	0,46	0,00068	RBP4	NM_006744	Homo sapiens retinol binding protein 4, plasma (RBP4), mRNA [NM_006744]
A_23_P126089	0,46	0,00000	SPRR2C	NR_003062	Homo sapiens small proline-rich protein 2C (SPRR2C) on chromosome 1 [NR_003062]
A_23_P206466	0,46	0,00002	CASKIN1	NM_020764	Homo sapiens CASK interacting protein 1 (CASKIN1), mRNA [NM_020764]
A_23_P123848	0,46	0,00019	DAB2IP	NM_032552	Homo sapiens DAB2 interacting protein (DAB2IP), transcript variant 1, mRNA [NM_032552]
A_23_P125056	0,46	0,00009	BAI1	NM_001702	Homo sapiens brain-specific angiogenesis inhibitor 1 (BAI1), mRNA [NM_001702]
A_24_P307869	0,46	0,00001	LLGL2	NM_001015002	Homo sapiens lethal giant larvae homolog 2 (Drosophila) (LLGL2), transcript variant 2, mRNA [NM_001015002]
A_23_P777066	0,46	0,00068	SNRPN	NM_022807	Homo sapiens small nuclear ribonucleoprotein polypeptide N (SNRPN), transcript variant 4, mRNA [NM_022807]
A_23_P315241	0,46	0,00001	ACTN4	NM_004924	Homo sapiens actinin, alpha 4 (ACTN4), mRNA [NM_004924]
A_23_P325690	0,46	0,00452	ANKRD35	NM_144698	Homo sapiens ankyrin repeat domain 35 (ANKRD35), mRNA [NM_144698]
A_24_P926820	0,46	0,00746	AF159295	AF159295	Homo sapiens serine/threonine protein kinase Kp78 splice variant C TAK75a mRNA, complete cds. [AF159295]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P310	0,46	0,00002	MARCKSL1	NM_023009	Homo sapiens MARCKS-like 1 (MARCKSL1), mRNA [NM_023009]
A_23_P14892	0,46	0,00002	IGFALS	NM_004970	Homo sapiens insulin-like growth factor binding protein, acid labile subunit (IGFALS), mRNA [NM_004970]
A_23_P258483	0,47	0,00024	ANKRD55	NM_024669	Homo sapiens ankyrin repeat domain 55 (ANKRD55), transcript variant 1, mRNA [NM_024669]
A_24_P366526	0,47	0,00036	SYNGR2	BC105992	Homo sapiens synaptogyrin 2, mRNA (cDNA clone MGC:102914 IMAGE:4746277), complete cds. [BC105992]
A_23_P209337	0,47	0,00001	FAM119A	NM_145280	Homo sapiens family with sequence similarity 119, member A (FAM119A), mRNA [NM_145280]
A_23_P98844	0,47	0,00010	GEFT	NM_182947	Homo sapiens RAC/CDC42 exchange factor (GEFT), transcript variant 1, mRNA [NM_182947]
A_23_P75786	0,47	0,00002	SLC15A3	NM_016582	Homo sapiens solute carrier family 15, member 3 (SLC15A3), mRNA [NM_016582]
A_23_P212119	0,47	0,00073	GALNTL2	NM_054110	Homo sapiens UDP-N-acetyl-alpha-D-galactosamine:polypeptide N-acetylgalactosaminyltransferase-like 2 (GALNTL2), mRNA [NM_054110]
A_23_P167227	0,47	0,00000	HADH	NM_005327	Homo sapiens hydroxyacyl-Coenzyme A dehydrogenase (HADH), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_005327]
A_23_P340263	0,47	0,00020	RNF175	NM_173662	Homo sapiens ring finger protein 175 (RNF175), mRNA [NM_173662]
A_24_P564576	0,47	0,00004	NLF2	NM_001007595	Homo sapiens nuclear localized factor 2 (NLF2), mRNA [NM_001007595]
A_23_P419714	0,47	0,00853	BTBD11	NM_152322	Homo sapiens BTB (POZ) domain containing 11 (BTBD11), transcript variant 1, mRNA [NM_152322]
A_32_P87872	0,47	0,00002	IMMP2L	NM_032549	Homo sapiens IMP2 inner mitochondrial membrane peptidase-like (S. cerevisiae) (IMMP2L), mRNA [NM_032549]
A_24_P73862	0,47	0,00003	C1QTNF1	NM_198594	Homo sapiens C1q and tumor necrosis factor related protein 1 (C1QTNF1), mRNA [NM_198594]
A_23_P98455	0,47	0,00006	LOH11CR2A	NM_014622	Homo sapiens loss of heterozygosity, 11, chromosomal region 2, gene A (LOH11CR2A), transcript variant 1, mRNA [NM_014622]
A_23_P69652	0,47	0,00192	GPR78	NM_080819	Homo sapiens G protein-coupled receptor 78 (GPR78), mRNA [NM_080819]
A_23_P27315	0,47	0,00563	EMILIN2	NM_032048	Homo sapiens elastin microfibril interfacer 2 (EMILIN2), mRNA [NM_032048]
A_23_P254353	0,47	0,00083	NOXA1	NM_006647	Homo sapiens NADPH oxidase activator 1 (NOXA1), mRNA [NM_006647]
A_23_P159227	0,47	0,00009	ADAM15	NM_207191	Homo sapiens ADAM metalloproteinase domain 15 (metagargin) (ADAM15), transcript variant 1, mRNA [NM_207191]
A_23_P146077	0,47	0,00006	ZNF395	NM_018660	Homo sapiens zinc finger protein 395 (ZNF395), mRNA [NM_018660]
A_23_P217845	0,47	0,00015	RGS16	NM_002928	Homo sapiens regulator of G-protein signalling 16 (RGS16), mRNA [NM_002928]
A_24_P79808	0,47	0,00010	PBXIP1	NM_020524	Homo sapiens pre-B-cell leukemia homeobox interacting protein 1 (PBXIP1), mRNA [NM_020524]
A_24_P123601	0,47	0,00011	DDR1	NM_013994	Homo sapiens discoidin domain receptor family, member 1 (DDR1), transcript variant 3, mRNA [NM_013994]
A_23_P163227	0,47	0,00004	CKMT1B	NM_020990	Homo sapiens creatine kinase, mitochondrial 1B (CKMT1B), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_020990]
A_23_P137381	0,47	0,00183	ID3	NM_002167	Homo sapiens inhibitor of DNA binding 3, dominant negative helix-loop-helix protein (ID3), mRNA [NM_002167]
A_23_P434518	0,47	0,00005	LFNG	NM_001040168	Homo sapiens LFNG O-fucosylpeptide 3-beta-N-acetylglucosaminyltransferase (LFNG), transcript variant 2, mRNA [NM_001040168]
A_23_P348121	0,47	0,00000	FOSL2	NM_005253	Homo sapiens FOS-like antigen 2 (FOSL2), mRNA [NM_005253]
A_23_P135381	0,47	0,00000	SP5	NM_001003845	Homo sapiens Sp5 transcription factor (SP5), mRNA [NM_001003845]
A_23_P47282	0,47	0,00001	ST14	NM_021978	Homo sapiens suppression of tumorigenicity 14 (colon carcinoma) (ST14), mRNA [NM_021978]
A_24_P930276	0,47	0,00591	NFE2L1	L24123	Homo sapiens NRF1 protein (NRF1) mRNA. [L24123]
A_23_P35617	0,47	0,00570	PLCE1	NM_016341	Homo sapiens phospholipase C, epsilon 1 (PLCE1), mRNA [NM_016341]
A_23_P82523	0,47	0,00000	ABCB1	NM_000927	Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family B (MDR/TAP), member 1 (ABCB1), mRNA [NM_000927]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P142389	0,47	0,00000	LSR	NM_205834	Homo sapiens lipolysis stimulated lipoprotein receptor (LSR), transcript variant 2, mRNA [NM_205834]
A_24_P72064	0,47	0,00008	GHR	NM_000163	Homo sapiens growth hormone receptor (GHR), mRNA [NM_000163]
A_32_P65473	0,47	0,00745	ENST00000330640	ENST00000330640	KIAA1244 (KIAA1244), mRNA [Source:RefSeq_dna;Acc:NM_020340] [ENST00000330640]
A_23_P216596	0,47	0,00005	SVEP1	NM_153366	Homo sapiens sushi, von Willebrand factor type A, EGF and pentraxin domain containing 1 (SVEP1), mRNA [NM_153366]
A_24_P942493	0,47	0,00001	WSCD1	NM_015253	Homo sapiens KIAA0523 protein (KIAA0523), mRNA [NM_015253]
A_24_P279121	0,48	0,00001	MESP1	NM_018670	Homo sapiens mesoderm posterior 1 homolog (mouse) (MESP1), mRNA [NM_018670]
A_23_P360329	0,48	0,00004	AIM1L	NM_017977	Homo sapiens absent in melanoma 1-like (AIM1L), mRNA [NM_017977]
A_23_P257743	0,48	0,00013	SHB	NM_003028	Homo sapiens Src homology 2 domain containing adaptor protein B (SHB), mRNA [NM_003028]
A_23_P155624	0,48	0,00107	AP2M1	NM_004068	Homo sapiens adaptor-related protein complex 2, mu 1 subunit (AP2M1), transcript variant 1, mRNA [NM_004068]
A_24_P40775	0,48	0,00122	LRFN1	ENST00000248668	Leucine-rich repeat and fibronectin type III domain-containing protein 1 (Fragment) [Source:Uniprot/SPTREMBL;Acc:Q9P244] [ENST00000248668]
A_23_P41359	0,48	0,00036	ZNF330	NM_014487	Homo sapiens zinc finger protein 330 (ZNF330), mRNA [NM_014487]
A_24_P383609	0,48	0,00000	NANOS1	NM_199461	Homo sapiens nanos homolog 1 (Drosophila) (NANOS1), transcript variant 1, mRNA [NM_199461]
A_23_P92161	0,48	0,00078	ARL14	NM_025047	Homo sapiens ADP-ribosylation factor-like 14 (ARL14), mRNA [NM_025047]
A_23_P74112	0,48	0,00077	IL28RA	NM_170743	Homo sapiens interleukin 28 receptor, alpha (interferon, lambda receptor) (IL28RA), transcript variant 1, mRNA [NM_170743]
A_24_P302506	0,48	0,00021	AMIGO1	ENST00000369864	Amphoterin-induced protein 1 precursor (AMIGO-1) (Alivin-2) [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q86WK6] [ENST00000369864]
A_23_P201459	0,48	0,00095	IFI6	NM_022873	Homo sapiens interferon, alpha-inducible protein 6 (IFI6), transcript variant 3, mRNA [NM_022873]
A_32_P509169	0,48	0,00050	NLF1	NM_207322	Homo sapiens nuclear localized factor 1 (NLF1), mRNA [NM_207322]
A_23_P63343	0,48	0,00000	UTS2	NM_021995	Homo sapiens utensin 2 (UTS2), transcript variant 1, mRNA [NM_021995]
A_23_P395001	0,48	0,00001	SLC2A12	NM_145176	Homo sapiens solute carrier family 2 (facilitated glucose transporter), member 12 (SLC2A12), mRNA [NM_145176]
A_24_P182858	0,48	0,00008	LBH	NM_030915	Homo sapiens limb bud and heart development homolog (mouse) (LBH), mRNA [NM_030915]
A_24_P599340	0,48	0,00021	OSBPL3	NM_015550	Homo sapiens oxysterol binding protein-like 3 (OSBPL3), transcript variant 1, mRNA [NM_015550]
A_23_P38959	0,48	0,00001	VAV1	NM_005428	Homo sapiens vav 1 oncogene (VAV1), mRNA [NM_005428]
A_23_P50946	0,48	0,00625	RAMP1	NM_005855	Homo sapiens receptor (G protein-coupled) activity modifying protein 1 (RAMP1), mRNA [NM_005855]
A_23_P28507	0,48	0,00065	MGAT4A	NM_012214	Homo sapiens mannosyl (alpha-1,3)-glycoprotein beta-1,4-N-acetylglucosaminyltransferase, isozyme A (MGAT4A), mRNA [NM_012214]
A_23_P129738	0,48	0,00004	LLGL2	NM_004524	Homo sapiens lethal giant larvae homolog 2 (Drosophila) (LLGL2), transcript variant 1, mRNA [NM_004524]
A_23_P502470	0,48	0,00858	IL6ST	NM_002184	Homo sapiens interleukin 6 signal transducer (gp130, oncostatin M receptor) (IL6ST), transcript variant 1, mRNA [NM_002184]
A_23_P162486	0,48	0,00000	PTPN6	NM_002831	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 6 (PTPN6), transcript variant 1, mRNA [NM_002831]
A_32_P835626	0,48	0,00037	FBXO34	AF531436	Homo sapiens CGI-301 protein mRNA, complete cds. [AF531436]
A_23_P165408	0,48	0,00002	KLHL23	NM_144711	Homo sapiens kelch-like 23 (Drosophila) (KLHL23), mRNA [NM_144711]
A_23_P128967	0,48	0,00001	ALDH6A1	NM_005589	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 6 family, member A1 (ALDH6A1), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_005589]
A_23_P32404	0,48	0,00014	ISG20	NM_002201	Homo sapiens interferon stimulated exonuclease gene 20kDa (ISG20), mRNA [NM_002201]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P199774	0,48	0,00001	TINAGL1	NM_022164	Homo sapiens tubulointerstitial nephritis antigen-like 1 (TINAGL1), mRNA [NM_022164]
A_23_P12643	0,48	0,00539	AS3MT	NM_020682	Homo sapiens arsenic (+3 oxidation state) methyltransferase (AS3MT), mRNA [NM_020682]
A_23_P31921	0,48	0,00005	ASS1	NM_054012	Homo sapiens argininosuccinate synthetase 1 (ASS1), transcript variant 2, mRNA [NM_054012]
A_23_P135239	0,48	0,00023	TLE1	NM_005077	Homo sapiens transducin-like enhancer of split 1 (E(sp1) homolog, Drosophila) (TLE1), mRNA [NM_005077]
A_32_P158417	0,48	0,00056	FAM47C	NM_001013736	Homo sapiens family with sequence similarity 47, member C (FAM47C), mRNA [NM_001013736]
A_23_P43649	0,48	0,00001	X92493	X92493	H. sapiens mRNA for STM-7 protein. [X92493]
A_23_P103617	0,49	0,00014	ANXA9	NM_003568	Homo sapiens annexin A9 (ANXA9), mRNA [NM_003568]
A_23_P337689	0,49	0,00009	WIT1	NM_015855	Homo sapiens Wilms tumor upstream neighbor 1 (WIT1), mRNA [NM_015855]
A_23_P119916	0,49	0,00000	WNT6	NM_006522	Homo sapiens wingless-type MMTV integration site family, member 6 (WNT6), mRNA [NM_006522]
A_24_P261724	0,49	0,00000	RNF10	NM_014868	Homo sapiens ring finger protein 10 (RNF10), mRNA [NM_014868]
A_23_P251387	0,49	0,00022	REPS2	NM_004726	Homo sapiens RALBP1 associated Eps domain containing 2 (REPS2), transcript variant 1, mRNA [NM_004726]
A_23_P61778	0,49	0,00020	NXN	NM_022463	Homo sapiens nucleoredoxin (NXN), mRNA [NM_022463]
A_23_P40880	0,49	0,00010	CMTM8	NM_178868	Homo sapiens CKLF-like MARVEL transmembrane domain containing 8 (CMTM8), mRNA [NM_178868]
A_24_P360674	0,49	0,00420	CDKN2B	NM_078487	Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 2B (p15, inhibits CDK4) (CDKN2B), transcript variant 2, mRNA [NM_078487]
A_23_P168357	0,49	0,00017	CPA1	NM_001868	Homo sapiens carboxypeptidase A1 (pancreatic) (CPA1), mRNA [NM_001868]
A_23_P421032	0,49	0,00136	SEC14L4	NM_174977	Homo sapiens SEC14-like 4 (S. cerevisiae) (SEC14L4), mRNA [NM_174977]
A_24_P89987	0,49	0,00000	EPB41L4B	NM_018424	Homo sapiens erythrocyte membrane protein band 4.1 like 4B (EPB41L4B), transcript variant 1, mRNA [NM_018424]
A_23_P14821	0,49	0,00005	GABRB3	NM_000814	Homo sapiens gamma-aminobutyric acid (GABA) A receptor, beta 3 (GABRB3), transcript variant 1, mRNA [NM_000814]
A_23_P6066	0,49	0,00050	CPXM1	NM_019609	Homo sapiens carboxypeptidase X (M14 family), member 1 (CPXM1), mRNA [NM_019609]
A_23_P371239	0,49	0,00006	CMIP	NM_198390	Homo sapiens c-Maf-inducing protein (CMIP), transcript variant C-mip, mRNA [NM_198390]
A_23_P109974	0,49	0,00001	RAB6B	NM_016577	Homo sapiens RAB6B, member RAS oncogene family (RAB6B), mRNA [NM_016577]
A_23_P52978	0,49	0,00036	PRPF19	NM_014502	Homo sapiens PRP19/PSO4 pre-mRNA processing factor 19 homolog (S. cerevisiae) (PRPF19), mRNA [NM_014502]
A_24_P365496	0,49	0,00000	GFRA4	NM_022139	Homo sapiens GDNF family receptor alpha 4 (GFRA4), transcript variant 1, mRNA [NM_022139]
A_23_P11543	0,49	0,00006	FUCA1	NM_000147	Homo sapiens fucosidase, alpha-L-1, tissue (FUCA1), mRNA [NM_000147]
A_23_P409623	0,49	0,00011	PPFIBP2	NM_003621	Homo sapiens PTPRF interacting protein, binding protein 2 (liprin beta 2) (PPFIBP2), mRNA [NM_003621]
A_23_P156788	0,49	0,00000	STX11	NM_003764	Homo sapiens syntaxin 11 (STX11), mRNA [NM_003764]
A_23_P98995	0,49	0,00000	CALCOCO1	NM_020898	Homo sapiens calcium binding and coiled-coil domain 1 (CALCOCO1), mRNA [NM_020898]
A_24_P389218	0,49	0,00001	ARHGEF5	NM_005435	Homo sapiens Rho guanine nucleotide exchange factor (GEF) 5 (ARHGEF5), mRNA [NM_005435]
A_23_P257335	0,49	0,00003	KHDRBS3	NM_006558	Homo sapiens KH domain containing, RNA binding, signal transduction associated 3 (KHDRBS3), mRNA [NM_006558]
A_23_P201940	0,49	0,00059	LMOD1	NM_012134	Homo sapiens leiomodlin 1 (smooth muscle) (LMOD1), mRNA [NM_012134]
A_23_P129896	0,49	0,00149	ALDH3A2	NM_000382	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 3 family, member A2 (ALDH3A2), transcript variant 2, mRNA [NM_000382]
A_24_P305824	0,49	0,00000	SLITRK2	NM_032539	Homo sapiens SLIT and NTRK-like family, member 2 (SLITRK2), mRNA [NM_032539]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P324327	0,49	0,00052	GPCR5B	NM_016235	Homo sapiens G protein-coupled receptor, family C, group 5, member B (GPCR5B), mRNA [NM_016235]
A_23_P216742	0,49	0,00125	PAPPA	NM_002581	Homo sapiens pregnancy-associated plasma protein A, pappalysin 1 (PAPPA), mRNA [NM_002581]
A_23_P18684	0,49	0,00403	CLGN	NM_004362	Homo sapiens calmagin (CLGN), mRNA [NM_004362]
A_24_P943205	0,49	0,00015	EPST1	ENST00000313624	epithelial stromal interaction 1 isoform 2 [Source:RefSeq_peptide;Acc:NP_150280] [ENST00000313624]
A_23_P382188	0,49	0,00008	STAP2	NM_001013841	Homo sapiens signal-transducing adaptor protein-2 (STAP2), transcript variant 2, mRNA [NM_001013841]
A_23_P207517	0,49	0,00000	PDK2	NM_002611	Homo sapiens pyruvate dehydrogenase kinase, isozyme 2 (PDK2), mRNA [NM_002611]
A_23_P162165	0,49	0,00094	KCTD14	NM_023930	Homo sapiens potassium channel tetramerisation domain containing 14 (KCTD14), mRNA [NM_023930]
A_24_P233078	0,49	0,00498	PYY2	NR_003064	Homo sapiens peptide YY, 2 (seminalplasmin) (PYY2) on chromosome 17 [NR_003064]
A_32_P128656	0,49	0,00002	MID1	ENST00000380780	Midline-1 (EC 6.3.2.-) (Tripartite motif-containing protein 18) (Putative transcription factor XPRF) (Midin) (RING finger protein 59) (Midline 1 RING finger protein). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:O15344] [ENST00000380780]
A_23_P215154	0,49	0,00001	NUB1	NM_016118	Homo sapiens negative regulator of ubiquitin-like proteins 1 (NUB1), mRNA [NM_016118]
A_32_P30905	0,49	0,00000	WDFY4	BC032420	Homo sapiens WDFY family member 4, mRNA (cDNA clone MGC:40604 IMAGE:5221804), complete cds. [BC032420]
A_23_P141447	0,49	0,00016	RDM1	NM_145654	Homo sapiens RAD52 motif 1 (RDM1), transcript variant 1, mRNA [NM_145654]
A_23_P48513	0,49	0,00061	IFI27	NM_005532	Homo sapiens interferon, alpha-inducible protein 27 (IFI27), mRNA [NM_005532]
A_23_P168847	0,49	0,00036	FBXO16	NM_172366	Homo sapiens F-box protein 16 (FBXO16), mRNA [NM_172366]
A_23_P128337	0,49	0,00008	PTMS	NM_002824	Homo sapiens parathymosin (PTMS), mRNA [NM_002824]
A_23_P9926	0,49	0,00013	TSPAN10	NM_031945	Homo sapiens tetraspanin 10 (TSPAN10), mRNA [NM_031945]
A_23_P206280	0,49	0,00056	GPR56	NM_201525	Homo sapiens G protein-coupled receptor 56 (GPR56), transcript variant 3, mRNA [NM_201525]
A_23_P319083	0,49	0,00074	SLC30A2	NM_001004434	Homo sapiens solute carrier family 30 (zinc transporter), member 2 (SLC30A2), transcript variant 1, mRNA [NM_001004434]
A_24_P331761	0,49	0,00817	PSG7	NM_002783	Homo sapiens pregnancy specific beta-1-glycoprotein 7 (PSG7), mRNA [NM_002783]
A_23_P61524	0,49	0,00478	CCDC71	NM_022903	Homo sapiens coiled-coil domain containing 71 (CCDC71), mRNA [NM_022903]
A_24_P107317	0,49	0,00007	USP2	BC041366	Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 2, mRNA (cDNA clone MGC:43844 IMAGE:5273400), complete cds. [BC041366]
A_23_P51136	0,49	0,00006	RHOB	NM_004040	Homo sapiens ras homolog gene family, member B (RHOB), mRNA [NM_004040]
A_23_P147166	0,49	0,00001	CACNA2D3	AF516696	Homo sapiens voltage-gated calcium channel alpha(2)delta-3 subunit mRNA, complete cds. [AF516696]
A_23_P42065	0,49	0,00034	TNFRSF21	NM_014452	Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 21 (TNFRSF21), mRNA [NM_014452]
A_23_P10873	0,49	0,00054	TLR1	NM_003263	Homo sapiens toll-like receptor 1 (TLR1), mRNA [NM_003263]
A_24_P262201	0,50	0,00239	SULT1A4	NM_001017389	Homo sapiens sulfotransferase family, cytosolic, 1A, phenol-prefering, member 4 (SULT1A4), transcript variant 1, mRNA [NM_001017389]
A_24_P13390	0,50	0,00004	TMEM118	NM_032814	Homo sapiens transmembrane protein 118 (TMEM118), mRNA [NM_032814]
A_23_P65823	0,50	0,00046	GABARAPL3	AF180519	Homo sapiens GABA-A receptor-associated protein mRNA, complete cds. [AF180519]
A_23_P23584	0,50	0,00009	CTNBP1	NM_020248	Homo sapiens catenin, beta interacting protein 1 (CTNBP1), transcript variant 1, mRNA [NM_020248]
A_23_P377882	0,50	0,00000	KCNH2	NM_172056	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 2 (KCNH2), transcript variant 2, mRNA [NM_172056]
A_23_P421423	0,50	0,00023	TNFAIP2	NM_006291	Homo sapiens tumor necrosis factor, alpha-induced protein 2 (TNFAIP2), mRNA [NM_006291]
A_23_P72068	0,50	0,00011	GMDS	NM_001500	Homo sapiens GDP-mannose 4,6-dehydratase (GMDS), mRNA [NM_001500]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P89780	0,50	0,00023	LAMA3	NM_198129	Homo sapiens laminin, alpha 3 (LAMA3), transcript variant 1, mRNA [NM_198129]
A_23_P43476	0,50	0,00078	VLDLR	NM_003383	Homo sapiens very low density lipoprotein receptor (VLDLR), transcript variant 1, mRNA [NM_003383]
A_23_P103981	0,50	0,00168	HIST2H2AA3	NM_003516	Homo sapiens histone cluster 2, H2aa3 (HIST2H2AA3), mRNA [NM_003516]
A_23_P158533	0,50	0,00000	DEAF1	NM_021008	Homo sapiens deformed epidermal autoregulatory factor 1 (Drosophila) (DEAF1), mRNA [NM_021008]
A_23_P436353	0,50	0,00036	MLLT4	NM_001040001	Homo sapiens myeloid/lymphoid or mixed-lineage leukemia (trithorax homolog, Drosophila); translocated to, 4 (MLLT4), transcript variant 1, mRNA [NM_001040001]
A_24_P236935	0,50	0,00000	KLK6	NM_001012964	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 6 (KLK6), transcript variant B, mRNA [NM_001012964]
A_23_P72001	0,50	0,00027	PHYHD1	NM_174933	Homo sapiens phytanoyl-CoA dioxygenase domain containing 1 (PHYHD1), mRNA [NM_174933]
A_23_P27013	0,50	0,00448	HOXB9	NM_024017	Homo sapiens homeobox B9 (HOXB9), mRNA [NM_024017]
A_23_P169092	0,50	0,00010	CYP7B1	NM_004820	Homo sapiens cytochrome P450, family 7, subfamily B, polypeptide 1 (CYP7B1), mRNA [NM_004820]
A_23_P208595	0,50	0,00016	LDLR	NM_000527	Homo sapiens low density lipoprotein receptor (familial hypercholesterolemia) (LDLR), mRNA [NM_000527]
A_24_P113725	0,50	0,00007	SOX3	NM_005634	Homo sapiens SRY (sex determining region Y)-box 3 (SOX3), mRNA [NM_005634]
A_23_P88439	0,50	0,00004	MTAC2D1	NM_152332	Homo sapiens membrane targeting (tandem) C2 domain containing 1 (MTAC2D1), mRNA [NM_152332]
A_24_P244800	0,50	0,00014	NDRG2	NM_201535	Homo sapiens NDRG family member 2 (NDRG2), transcript variant 1, mRNA [NM_201535]

GENES REPRIMIDOS EN EL FENOTIPO NO EPITELIOIDE RESPECTO AL EPITELIOIDE

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide vs Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P121926	0,07	0,00088	SEPP1	NM_005410	Homo sapiens selenoprotein P, plasma, 1 (SEPP1), mRNA [NM_005410]
A_23_P145096	0,14	0,00012	PLA2G7	NM_005084	Homo sapiens phospholipase A2, group VII (platelet-activating factor acetylhydrolase, plasma) (PLA2G7), mRNA [NM_005084]
A_23_P161297	0,15	0,00029	OGDHL	NM_018245	Homo sapiens oxoglutarate dehydrogenase-like (OGDHL), mRNA [NM_018245]
A_23_P22596	0,15	0,00055	EGFL6	NM_015507	Homo sapiens EGF-like-domain, multiple 6 (EGFL6), mRNA [NM_015507]
A_23_P170649	0,17	0,00328	RPESP	NM_153225	Homo sapiens RPE-spondin (RPESP), mRNA [NM_153225]
A_23_P69537	0,18	0,00878	NMU	NM_006681	Homo sapiens neuromedin U (NMU), mRNA [NM_006681]
A_23_P102391	0,19	0,00354	SLC40A1	NM_014585	Homo sapiens solute carrier family 40 (iron-regulated transporter), member 1 (SLC40A1), mRNA [NM_014585]
A_24_P62505	0,20	0,00015	GLT25D2	NM_015101	Homo sapiens glycosyltransferase 25 domain containing 2 (GLT25D2), mRNA [NM_015101]
A_23_P140748	0,20	0,00259	NDRG4	NM_022910	Homo sapiens NDRG family member 4 (NDRG4), mRNA [NM_022910]
A_23_P91390	0,20	0,00412	THBD	NM_000361	Homo sapiens thrombomodulin (THBD), mRNA [NM_000361]
A_23_P156880	0,20	0,00022	ENPP1	NM_006208	Homo sapiens ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 1 (ENPP1), mRNA [NM_006208]
A_23_P44421	0,21	0,00338	HTRA4	NM_153692	Homo sapiens HtrA serine peptidase 4 (HTRA4), mRNA [NM_153692]
A_23_P109072	0,21	0,00026	SALL4	NM_020436	Homo sapiens sal-like 4 (Drosophila) (SALL4), mRNA [NM_020436]
A_23_P127948	0,22	0,00688	ADM	NM_001124	Homo sapiens adrenomedullin (ADM), mRNA [NM_001124]
A_23_P101505	0,22	0,00105	KLK11	NM_144947	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 11 (KLK11), transcript variant 2, mRNA [NM_144947]
A_23_P206359	0,23	0,00442	CDH1	NM_004360	Homo sapiens cadherin 1, type 1, E-cadherin (epithelial) (CDH1), mRNA [NM_004360]
A_23_P329573	0,23	0,00016	ITGB2	NM_000211	Homo sapiens integrin, beta 2 (complement component 3 receptor 3 and 4 subunit) (ITGB2), mRNA [NM_000211]
A_24_P91991	0,23	0,00441	NAT8L	NM_178557	Homo sapiens N-acetyltransferase 8-like (NAT8L), mRNA [NM_178557]
A_23_P397376	0,23	0,00141	MAF	NM_005360	Homo sapiens v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog (avian) (MAF), transcript variant 1, mRNA [NM_005360]
A_23_P134347	0,24	0,00020	CPVL	NM_031311	Homo sapiens carboxypeptidase, vitellogenic-like (CPVL), transcript variant 1, mRNA [NM_031311]
A_23_P255672	0,24	0,00435	ABLIM2	NM_032432	Homo sapiens actin binding LIM protein family, member 2 (ABLIM2), mRNA [NM_032432]
A_23_P44436	0,26	0,00396	GKN1	NM_019617	Homo sapiens gastrakine 1 (GKN1), mRNA [NM_019617]
A_23_P99642	0,26	0,00203	SLC7A7	NM_003982	Homo sapiens solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 7 (SLC7A7), mRNA [NM_003982]
A_23_P156687	0,27	0,00238	CFB	NM_001710	Homo sapiens complement factor B (CFB), mRNA [NM_001710]
A_23_P51487	0,27	0,00382	GBP3	NM_018284	Homo sapiens guanylate binding protein 3 (GBP3), mRNA [NM_018284]
A_24_P71973	0,27	0,00144	KDR	NM_002253	Homo sapiens kinase insert domain receptor (a type III receptor tyrosine kinase) (KDR), mRNA [NM_002253]
A_23_P214627	0,28	0,00053	AIF1	NM_004847	Homo sapiens allograft inflammatory factor 1 (AIF1), transcript variant 2, mRNA [NM_004847]
A_32_P79366	0,28	0,00213	HABP4	NM_014282	Homo sapiens hyaluronan binding protein 4 (HABP4), mRNA [NM_014282]
A_23_P76538	0,29	0,00126	TESC	NM_017899	Homo sapiens tescalcin (TESC), mRNA [NM_017899]
A_23_P83098	0,29	0,00076	ALDH1A1	NM_000689	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 1 family, member A1 (ALDH1A1), mRNA [NM_000689]
A_23_P429977	0,30	0,00008	KCNQ1	NM_000218	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, KQT-like subfamily, member 1 (KCNQ1), transcript variant 1, mRNA [NM_000218]
A_23_P69030	0,30	0,00027	COL8A1	NM_001850	Homo sapiens collagen, type VIII, alpha 1 (COL8A1), transcript variant 1, mRNA [NM_001850]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide vs Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P59375	0,30	0,00989	ID4	NM_001546	Homo sapiens inhibitor of DNA binding 4, dominant negative helix-loop-helix protein (ID4), mRNA [NM_001546]
A_23_P31873	0,30	0,00031	RAB11FIP1	NM_001002233	Homo sapiens RAB11 family interacting protein 1 (class I) (RAB11FIP1), transcript variant 2, mRNA [NM_001002233]
A_24_P845082	0,30	0,00160	AY090769	AY090769	Homo sapiens ribosomal protein S18/S6-like mRNA, complete sequence. [AY090769]
A_23_P67799	0,31	0,00202	TMEM37	NM_183240	Homo sapiens transmembrane protein 37 (TMEM37), mRNA [NM_183240]
A_23_P94338	0,31	0,00023	ENPP2	NM_006209	Homo sapiens ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 2 (autotaxin) (ENPP2), transcript variant 1, mRNA [NM_006209]
A_23_P320261	0,31	0,00446	DMKN	NM_033317	Homo sapiens dermokine (DMKN), transcript variant 2, mRNA [NM_033317]
A_23_P213415	0,31	0,00060	SEMA5A	NM_003966	Homo sapiens sema domain, seven thrombospondin repeats (type 1 and type 1-like), transmembrane domain (TM) and short cytoplasmic domain, (semaphorin) 5A (SEMA5A), mRNA [NM_003966]
A_23_P85140	0,31	0,00037	TCEAL2	NM_080390	Homo sapiens transcription elongation factor A (SII)-like 2 (TCEAL2), mRNA [NM_080390]
A_23_P27795	0,32	0,00323	SPINT2	NM_021102	Homo sapiens serine peptidase inhibitor, Kunitz type, 2 (SPINT2), mRNA [NM_021102]
A_24_P112160	0,32	0,00037	UPK3B	NM_030570	Homo sapiens uroplakin 3B (UPK3B), transcript variant 1, mRNA [NM_030570]
A_24_P256219	0,32	0,00525	MAF	AF055376	Homo sapiens short form transcription factor C-MAF (c-maf) mRNA, complete cds. [AF055376]
A_23_P85015	0,32	0,00103	MAOB	NM_000898	Homo sapiens monoamine oxidase B (MAOB), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_000898]
A_23_P144622	0,32	0,00017	GNPDA1	NM_005471	Homo sapiens glucosamine-6-phosphate deaminase 1 (GNPDA1), mRNA [NM_005471]
A_23_P101992	0,32	0,00713	MARCO	NM_006770	Homo sapiens macrophage receptor with collagenous structure (MARCO), mRNA [NM_006770]
A_23_P257924	0,33	0,00015	ETS2	NM_005239	Homo sapiens v-ets erythroblastosis virus E26 oncogene homolog 2 (avian) (ETS2), mRNA [NM_005239]
A_23_P411993	0,33	0,00005	ITIH5	NM_030569	Homo sapiens inter-alpha (globulin) inhibitor H5 (ITIH5), transcript variant 1, mRNA [NM_030569]
A_23_P214244	0,33	0,00023	ENPP5	NM_021572	Homo sapiens ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 5 (putative function) (ENPP5), mRNA [NM_021572]
A_23_P167168	0,33	0,00191	IGJ	NM_144646	Homo sapiens immunoglobulin J polypeptide, linker protein for immunoglobulin alpha and mu polypeptides (IGJ), mRNA [NM_144646]
A_24_P912799	0,33	0,00131	SEMA5A	ENST00000382496	Semaphorin-5A precursor (Semaphorin F) (Sema F). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q13591] [ENST00000382496]
A_32_P107876	0,34	0,00070	FRAS1	NM_025074	Homo sapiens Fraser syndrome 1 (FRAS1), mRNA [NM_025074]
A_23_P50376	0,34	0,00158	ZNF331	NM_018555	Homo sapiens zinc finger protein 331 (ZNF331), transcript variant 1, mRNA [NM_018555]
A_23_P147711	0,34	0,00160	NPR1	NM_000906	Homo sapiens natriuretic peptide receptor A/guanylate cyclase A (atriatriuretic peptide receptor A) (NPR1), mRNA [NM_000906]
A_23_P206760	0,34	0,00748	HP	NM_005143	Homo sapiens haptoglobin (HP), mRNA [NM_005143]
A_23_P17663	0,34	0,00041	MX1	NM_002462	Homo sapiens myxovirus (influenza virus) resistance 1, interferon-inducible protein p78 (mouse) (MX1), mRNA [NM_002462]
A_23_P107911	0,34	0,00118	KLK10	NM_002776	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 10 (KLK10), transcript variant 1, mRNA [NM_002776]
A_24_P326398	0,34	0,00328	CRB2	NM_173689	Homo sapiens crumbs homolog 2 (Drosophila) (CRB2), mRNA [NM_173689]
A_24_P31627	0,34	0,00324	KCNB1	NM_004975	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, Shab-related subfamily, member 1 (KCNB1), mRNA [NM_004975]
A_23_P23575	0,34	0,00017	SLC39A1	NM_014437	Homo sapiens solute carrier family 39 (zinc transporter), member 1 (SLC39A1), mRNA [NM_014437]
A_23_P113005	0,35	0,00026	EFNA1	NM_004428	Homo sapiens ephrin-A1 (EFNA1), transcript variant 1, mRNA [NM_004428]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode vs Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P304921	0,35	0,00665	NOX1	NM_013955	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1Lv, mRNA [NM_013955]
A_23_P126075	0,35	0,00005	KCNK1	NM_002245	Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 1 (KCNK1), mRNA [NM_002245]
A_23_P167129	0,36	0,00964	HHIP	NM_022475	Homo sapiens hedgehog interacting protein (HHIP), mRNA [NM_022475]
A_23_P23947	0,37	0,00117	MAP3K8	NM_005204	Homo sapiens mitogen-activated protein kinase kinase kinase 8 (MAP3K8), mRNA [NM_005204]
A_23_P59582	0,37	0,00026	SEMA3E	NM_012431	Homo sapiens sema domain, immunoglobulin domain (Ig), short basic domain, secreted, (semaphorin) 3E (SEMA3E), mRNA [NM_012431]
A_24_P273972	0,37	0,00168	CFH	NM_000186	Homo sapiens complement factor H (CFH), transcript variant 1, mRNA [NM_000186]
A_23_P347027	0,37	0,00095	SMPD3	NM_018667	Homo sapiens sphingomyelin phosphodiesterase 3, neutral membrane (neutral sphingomyelinase II) (SMPD3), mRNA [NM_018667]
A_23_P395054	0,37	0,00741	ANXA8	BC008813	Homo sapiens annexin A8, mRNA (cDNA clone MGC:10405 IMAGE:3958020), complete cds. [BC008813]
A_23_P103334	0,37	0,00381	RC3H1	NM_172071	Homo sapiens ring finger and CCH-type zinc finger domains 1 (RC3H1), mRNA [NM_172071]
A_24_P163237	0,38	0,00086	STOX2	NM_020225	Homo sapiens storkhead box 2 (STOX2), mRNA [NM_020225]
A_23_P133916	0,38	0,00075	C2	NM_000063	Homo sapiens complement component 2 (C2), mRNA [NM_000063]
A_23_P22735	0,38	0,00357	BEX2	NM_032621	Homo sapiens brain expressed X-linked 2 (BEX2), mRNA [NM_032621]
A_32_P192376	0,38	0,00047	ENPP1	ENST00000367994	Ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 1 (E-NPP1) (Phosphodiesterase I/nucleotide pyrophosphatase 1) (Plasma-cell membrane glycoprotein PC-1) [Includes: Alkaline phosphodiesterase I (EC 3.1.4.1); Nucleotide pyrophosphatase (EC 3.6.1.9)...]
A_23_P168403	0,38	0,00125	KCNH2	NM_000238	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, subfamily H (eag-related), member 2 (KCNH2), transcript variant 1, mRNA [NM_000238]
A_23_P93027	0,38	0,00621	FGF18	NM_003862	Homo sapiens fibroblast growth factor 18 (FGF18), mRNA [NM_003862]
A_24_P244800	0,38	0,00009	NDRG2	NM_201535	Homo sapiens NDRG family member 2 (NDRG2), transcript variant 1, mRNA [NM_201535]
A_23_P93442	0,38	0,00031	SASH1	NM_015278	Homo sapiens SAM and SH3 domain containing 1 (SASH1), mRNA [NM_015278]
A_23_P16415	0,38	0,00023	LRP3	NM_002333	Homo sapiens low density lipoprotein receptor-related protein 3 (LRP3), mRNA [NM_002333]
A_24_P98109	0,39	0,00872	SNX10	NM_013322	Homo sapiens sorting nexin 10 (SNX10), mRNA [NM_013322]
A_23_P145824	0,39	0,00104	PPP1R9A	NM_017650	Homo sapiens protein phosphatase 1, regulatory (inhibitor) subunit 9A (PPP1R9A), mRNA [NM_017650]
A_32_P44878	0,39	0,00724	ITIH5	ENST00000256861	inter-alpha trypsin inhibitor heavy chain precursor 5 isoform 1 [Source:RefSeq_peptide;Acc:NP_085046] [ENST00000256861]
A_23_P50946	0,39	0,00634	RAMP1	NM_005855	Homo sapiens receptor (G protein-coupled) activity modifying protein 1 (RAMP1), mRNA [NM_005855]
A_23_P8571	0,39	0,00404	SRCRB4D	NM_080744	Homo sapiens scavenger receptor cysteine rich domain containing, group B (4 domains) (SRCRB4D), mRNA [NM_080744]
A_23_P81392	0,39	0,00855	WWC1	NM_015238	Homo sapiens WW and C2 domain containing 1 (WWC1), mRNA [NM_015238]
A_23_P38167	0,39	0,00048	GPRC5C	NM_022036	Homo sapiens G protein-coupled receptor, family C, group 5, member C (GPRC5C), transcript variant 1, mRNA [NM_022036]
A_23_P216779	0,39	0,00055	NTRK2	NM_001007097	Homo sapiens neurotrophic tyrosine kinase, receptor, type 2 (NTRK2), transcript variant b, mRNA [NM_001007097]
A_23_P41359	0,39	0,00044	ZNF330	NM_014487	Homo sapiens zinc finger protein 330 (ZNF330), mRNA [NM_014487]
A_23_P85453	0,39	0,00616	CD244	NM_016382	Homo sapiens CD244 molecule, natural killer cell receptor 2B4 (CD244), mRNA [NM_016382]
A_32_P29632	0,39	0,00029	CXADR	NM_001338	Homo sapiens coxsackie virus and adenovirus receptor (CXADR), mRNA [NM_001338]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide vs Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_32_P205624	0,39	0,00036	SHC2	NM_012435	Homo sapiens SHC (Src homology 2 domain containing) transforming protein 2 (SHC2), mRNA [NM_012435]
A_23_P9293	0,40	0,00216	TJP2	NM_004817	Homo sapiens tight junction protein 2 (zona occludens 2) (TJP2), transcript variant 1, mRNA [NM_004817]
A_23_P257111	0,40	0,00111	FBP1	NM_000507	Homo sapiens fructose-1,6-bisphosphatase 1 (FBP1), mRNA [NM_000507]
A_23_P426021	0,40	0,00812	KIAA0746	NM_015187	Homo sapiens KIAA0746 protein (KIAA0746), mRNA [NM_015187]
A_23_P145978	0,40	0,00282	VIPR2	NM_003382	Homo sapiens vasoactive intestinal peptide receptor 2 (VIPR2), mRNA [NM_003382]
A_23_P159952	0,40	0,00833	BEX1	NM_018476	Homo sapiens brain expressed, X-linked 1 (BEX1), mRNA [NM_018476]
A_24_P260371	0,40	0,00446	DKFZP564O0823	NM_015393	Homo sapiens DKFZP564O0823 protein (DKFZP564O0823), mRNA [NM_015393]
A_23_P76901	0,40	0,00452	PLEKHG3	NM_015549	Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family G (with RhoGef domain) member 3 (PLEKHG3), mRNA [NM_015549]
A_23_P5211	0,41	0,00422	MUC16	NM_024690	Homo sapiens mucin 16, cell surface associated (MUC16), mRNA [NM_024690]
A_23_P205519	0,41	0,00056	ABHD4	NM_022060	Homo sapiens abhydrolase domain containing 4 (ABHD4), mRNA [NM_022060]
A_23_P140858	0,41	0,00031	A2BP1	NM_018723	Homo sapiens ataxin 2-binding protein 1 (A2BP1), transcript variant 4, mRNA [NM_018723]
A_23_P26468	0,41	0,00037	RHBDL1	NM_003961	Homo sapiens rhomboid, veinlet-like 1 (Drosophila) (RHBDL1), mRNA [NM_003961]
A_23_P203841	0,41	0,00086	BAZ2A	NM_013449	Homo sapiens bromodomain adjacent to zinc finger domain, 2A (BAZ2A), mRNA [NM_013449]
A_32_P156851	0,41	0,00254	DSCR1L1	NM_005822	Homo sapiens Down syndrome critical region gene 1-like 1 (DSCR1L1), mRNA [NM_005822]
A_23_P44724	0,41	0,00145	CSRP2	NM_001321	Homo sapiens cysteine and glycine-rich protein 2 (CSRP2), mRNA [NM_001321]
A_23_P166135	0,41	0,00140	XRN2	NM_012255	Homo sapiens 5'-3' exoribonuclease 2 (XRN2), mRNA [NM_012255]
A_23_P250102	0,41	0,00055	CAND2	NM_012298	Homo sapiens cullin-associated and neddylation-dissociated 2 (putative) (CAND2), mRNA [NM_012298]
A_24_P260134	0,41	0,00035	NMNAT3	NM_178177	Homo sapiens nicotinamide nucleotide adenyllyltransferase 3 (NMNAT3), mRNA [NM_178177]
A_24_P45728	0,41	0,00369	CGN	NM_020770	Homo sapiens cingulin (CGN), mRNA [NM_020770]
A_23_P114670	0,41	0,00242	ARHGEF16	NM_014448	Homo sapiens Rho guanine exchange factor (GEF) 16 (ARHGEF16), mRNA [NM_014448]
A_23_P134953	0,41	0,00393	ADFP	NM_001122	Homo sapiens adipose differentiation-related protein (ADFP), mRNA [NM_001122]
A_23_P204581	0,41	0,00624	TXNRD1	NM_003330	Homo sapiens thioredoxin reductase 1 (TXNRD1), transcript variant 1, mRNA [NM_003330]
A_23_P59960	0,41	0,00136	CRISPLD1	NM_031461	Homo sapiens cysteine-rich secretory protein LCCL domain containing 1 (CRISPLD1), mRNA [NM_031461]
A_23_P432591	0,41	0,00067	CCDC125	NM_176816	Homo sapiens coiled-coil domain containing 125 (CCDC125), mRNA [NM_176816]
A_24_P87763	0,41	0,00146	EEF2	NM_001961	Homo sapiens eukaryotic translation elongation factor 2 (EEF2), mRNA [NM_001961]
A_23_P166297	0,42	0,00848	ABCG1	NM_207630	Homo sapiens ATP-binding cassette, sub-family G (WHITE), member 1 (ABCG1), transcript variant 1, mRNA [NM_207630]
A_23_P395609	0,42	0,00040	FAM110B	NM_147189	Homo sapiens family with sequence similarity 110, member B (FAM110B), mRNA [NM_147189]
A_24_P405992	0,42	0,00129	SYNPO	NM_007286	Homo sapiens synaptopodin (SYNPO), mRNA [NM_007286]
A_23_P149852	0,42	0,00017	LZTS2	NM_032429	Homo sapiens leucine zipper, putative tumor suppressor 2 (LZTS2), mRNA [NM_032429]
A_23_P309837	0,42	0,00020	STON2	NM_033104	Homo sapiens stonin 2 (STON2), mRNA [NM_033104]
A_23_P144476	0,42	0,00017	SPRY1	NM_199327	Homo sapiens sprouty homolog 1, antagonist of FGF signaling (Drosophila) (SPRY1), transcript variant 2, mRNA [NM_199327]
A_24_P235098	0,43	0,00230	FOXQ1	NM_033260	Homo sapiens forkhead box Q1 (FOXQ1), mRNA [NM_033260]
A_23_P31041	0,43	0,00183	MYLIP	NM_013262	Homo sapiens myosin regulatory light chain interacting protein (MYLIP), mRNA [NM_013262]
A_32_P167856	0,43	0,00096	CTAGE4	AF338232	Homo sapiens CTAGE-4 protein mRNA, complete cds. [AF338232]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide vs Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_32_P52785	0,43	0,00269	DAAM2	NM_015345	Homo sapiens dishevelled associated activator of morphogenesis 2 (DAAM2), mRNA [NM_015345]
A_23_P82449	0,43	0,00008	DFNA5	NM_004403	Homo sapiens deafness, autosomal dominant 5 (DFNA5), mRNA [NM_004403]
A_24_P237778	0,43	0,00058	MAN1C1	NM_020379	Homo sapiens mannosidase, alpha, class 1C, member 1 (MAN1C1), mRNA [NM_020379]
A_23_P170186	0,43	0,00046	OPLAH	NM_017570	Homo sapiens 5-oxoprolinase (ATP-hydrolysing) (OPLAH), mRNA [NM_017570]
A_23_P427122	0,43	0,00985	ART5	NM_053017	Homo sapiens ADP-ribosyltransferase 5 (ART5), transcript variant 1, mRNA [NM_053017]
A_23_P205489	0,43	0,00089	SLC7A8	NM_182728	Homo sapiens solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 8 (SLC7A8), transcript variant 2, mRNA [NM_182728]
A_23_P107587	0,43	0,00034	NPC1	NM_000271	Homo sapiens Niemann-Pick disease, type C1 (NPC1), mRNA [NM_000271]
A_23_P57417	0,43	0,00037	MMP11	NM_005940	Homo sapiens matrix metalloproteinase 11 (stromelysin 3) (MMP11), mRNA [NM_005940]
A_24_P418637	0,43	0,00227	MACF1	NM_012090	Homo sapiens microtubule-actin crosslinking factor 1 (MACF1), transcript variant 1, mRNA [NM_012090]
A_24_P255609	0,44	0,00038	ENST00000324745	ENST00000324745	Homo sapiens mRNA for FLJ0388 protein. [AK090467]
A_23_P146554	0,44	0,00133	PTGDS	NM_000954	Homo sapiens prostaglandin D2 synthase 21kDa (brain) (PTGDS), mRNA [NM_000954]
A_23_P119266	0,44	0,00107	DNASE2	NM_001375	Homo sapiens deoxyribonuclease II, lysosomal (DNASE2), mRNA [NM_001375]
A_23_P257871	0,44	0,00668	DAB2	NM_001343	Homo sapiens disabled homolog 2, mitogen-responsive phosphoprotein (Drosophila) (DAB2), mRNA [NM_001343]
A_24_P921897	0,44	0,00049	HOOK1	NM_015888	Homo sapiens hook homolog 1 (Drosophila) (HOOK1), mRNA [NM_015888]
A_24_P289260	0,44	0,00839	DACT2	NM_214462	Homo sapiens dapper, antagonist of beta-catenin, homolog 2 (Xenopus laevis) (DACT2), mRNA [NM_214462]
A_23_P101761	0,44	0,00669	KISS1R	NM_032551	Homo sapiens KISS1 receptor (KISS1R), mRNA [NM_032551]
A_23_P162640	0,44	0,00546	GABARAPL1	NM_031412	Homo sapiens GABA(A) receptor-associated protein like 1 (GABARAPL1), mRNA [NM_031412]
A_24_P201153	0,44	0,00103	TJP2	NM_201629	Homo sapiens tight junction protein 2 (zona occludens 2) (TJP2), transcript variant 2, mRNA [NM_201629]
A_24_P379413	0,44	0,00905	IL6R	NM_000565	Homo sapiens interleukin 6 receptor (IL6R), transcript variant 1, mRNA [NM_000565]
A_23_P340263	0,44	0,00282	RNF175	NM_173662	Homo sapiens ring finger protein 175 (RNF175), mRNA [NM_173662]
A_23_P99442	0,44	0,00187	FLT3	NM_004119	Homo sapiens fms-related tyrosine kinase 3 (FLT3), mRNA [NM_004119]
A_23_P304489	0,44	0,00269	FAM19A5	NM_015381	Homo sapiens family with sequence similarity 19 (chemokine (C-C motif)-like), member A5 (FAM19A5), transcript variant 2, mRNA [NM_015381]
A_23_P20427	0,44	0,00006	RHOBTB2	NM_015178	Homo sapiens Rho-related BTB domain containing 2 (RHOBTB2), mRNA [NM_015178]
A_24_P924484	0,44	0,00146	K03200	K03200	Human melanoma-associated antigen p97 (melanotransferrin) mRNA, 3' flank. [K03200]
A_23_P28295	0,44	0,00188	LRP2	NM_004525	Homo sapiens low density lipoprotein-related protein 2 (LRP2), mRNA [NM_004525]
A_23_P84281	0,45	0,00096	THC2603259	THC2603259	Q96IM5_HUMAN (Q96IM5) RAB7B protein, complete [THC2603259]
A_24_P50248	0,45	0,00102	FAM110C	NM_001077710	Homo sapiens family with sequence similarity 110, member C (FAM110C), mRNA [NM_001077710]
A_24_P115990	0,45	0,00573	AMHR2	NM_020547	Homo sapiens anti-Mullerian hormone receptor, type II (AMHR2), mRNA [NM_020547]
A_23_P73571	0,45	0,00189	MUM1L1	NM_152423	Homo sapiens melanoma associated antigen (mutated) 1-like 1 (MUM1L1), mRNA [NM_152423]
A_23_P111132	0,45	0,00148	HSPA1A	NM_005345	Homo sapiens heat shock 70kDa protein 1A (HSPA1A), mRNA [NM_005345]
A_23_P113471	0,45	0,00430	FAAH2	NM_174912	Homo sapiens fatty acid amide hydrolase 2 (FAAH2), mRNA [NM_174912]
A_23_P68155	0,45	0,00074	IFIH1	NM_022168	Homo sapiens interferon induced with helicase C domain 1 (IFIH1), mRNA [NM_022168]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epiteliode vs Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P405190	0,45	0,00141	USP33	NM_201626	Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 33 (USP33), transcript variant 3, mRNA [NM_201626]
A_23_P360079	0,45	0,00188	NAP5	NM_207363	Homo sapiens Nck-associated protein 5 (NAP5), transcript variant 1, mRNA [NM_207363]
A_24_P673968	0,45	0,00773	ENST00000371276	ENST00000371276	Tetratricopeptide repeat protein 22 (TPR repeat protein 22). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q5TAA0] [ENST00000371276]
A_24_P148796	0,45	0,00271	MST1	NM_020998	Homo sapiens macrophage stimulating 1 (hepatocyte growth factor-like) (MST1), mRNA [NM_020998]
A_32_P80678	0,45	0,00158	ADAM9	NM_001005845	Homo sapiens ADAM metalloproteinase domain 9 (meltrin gamma) (ADAM9), transcript variant 2, mRNA [NM_001005845]
A_23_P146077	0,45	0,00055	ZNF395	NM_018660	Homo sapiens zinc finger protein 395 (ZNF395), mRNA [NM_018660]
A_24_P123601	0,45	0,00039	DDR1	NM_013994	Homo sapiens discoidin domain receptor family, member 1 (DDR1), transcript variant 3, mRNA [NM_013994]
A_23_P128773	0,45	0,00145	CTAGE5	NM_203356	Homo sapiens CTAGE family, member 5 (CTAGE5), transcript variant 4, mRNA [NM_203356]
A_23_P254353	0,45	0,00269	NOXA1	NM_006647	Homo sapiens NADPH oxidase activator 1 (NOXA1), mRNA [NM_006647]
A_23_P358370	0,45	0,00269	FOX E1	X94553	H.sapiens HFKH4 mRNA for fork head like protein. [X94553]
A_23_P109269	0,46	0,00380	LAMA5	NM_005560	Homo sapiens laminin, alpha 5 (LAMA5), mRNA [NM_005560]
A_32_P103776	0,46	0,00736	THC2734788	THC2734788	T28605 EST48922 Human Spleen Homo sapiens cDNA 5' end similar to proto-oncogene junD (GB:X51346) (HT:1498), mRNA sequence [T28605]
A_23_P158277	0,46	0,00015	TMCO4	NM_181719	Homo sapiens transmembrane and coiled-coil domains 4 (TMCO4), mRNA [NM_181719]
A_23_P54144	0,46	0,00080	BMP4	NM_001202	Homo sapiens bone morphogenetic protein 4 (BMP4), transcript variant 1, mRNA [NM_001202]
A_24_P239364	0,46	0,00113	TMEFF2	AB004064	Homo sapiens mRNA for tomoregulin, complete cds. [AB004064]
A_23_P86100	0,46	0,00181	KARCA1	NM_001007255	Homo sapiens kelch/ankyrin repeat containing cyclin A1 interacting protein (KARCA1), transcript variant 2, mRNA [NM_001007255]
A_32_P117338	0,46	0,00208	AFG3L2	NM_006796	Homo sapiens AFG3 ATPase family gene 3-like 2 (yeast) (AFG3L2), nuclear gene encoding mitochondrial protein, mRNA [NM_006796]
A_24_P113131	0,46	0,00717	BZRAP1	NM_004758	Homo sapiens benzodiazepine receptor (peripheral) associated protein 1 (BZRAP1), mRNA [NM_004758]
A_23_P132175	0,47	0,00389	RTN4R	NM_023004	Homo sapiens reticulon 4 receptor (RTN4R), mRNA [NM_023004]
A_23_P142750	0,47	0,00847	EIF2AK2	NM_002759	Homo sapiens eukaryotic translation initiation factor 2-alpha kinase 2 (EIF2AK2), mRNA [NM_002759]
A_23_P108404	0,47	0,00139	CENTG2	NM_014914	Homo sapiens centaurin, gamma 2 (CENTG2), transcript variant 2, mRNA [NM_014914]
A_23_P51187	0,47	0,00072	PRKCZ	NM_002744	Homo sapiens protein kinase C, zeta (PRKCZ), transcript variant 1, mRNA [NM_002744]
A_23_P402952	0,47	0,00021	LOC441294	NM_001008747	Homo sapiens similar to CTAGE6 (LOC441294), mRNA [NM_001008747]
A_23_P253281	0,47	0,00260	ENST00000376840	ENST00000376840	TBC1 domain family member 8 (Vascular Rab-GAP/TBC-containing protein) (AD 3). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:O95759] [ENST00000376840]
A_24_P294419	0,47	0,00531	SEMA3B	NM_004636	Homo sapiens sema domain, immunoglobulin domain (Ig), short basic domain, secreted, (semaphorin) 3B (SEMA3B), transcript variant 1, mRNA [NM_004636]
A_23_P200866	0,47	0,00996	STMN1	NM_203401	Homo sapiens stathmin 1/oncoprotein 18 (STMN1), transcript variant 1, mRNA [NM_203401]
A_23_P7212	0,47	0,00105	CFI	NM_000204	Homo sapiens complement factor I (CFI), mRNA [NM_000204]
A_24_P307869	0,47	0,00026	LLGL2	NM_001015002	Homo sapiens lethal giant larvae homolog 2 (Drosophila) (LLGL2), transcript variant 2, mRNA [NM_001015002]
A_23_P140434	0,47	0,00261	MYO5C	NM_018728	Homo sapiens myosin VC (MYO5C), mRNA [NM_018728]
A_23_P104346	0,47	0,00208	PIP5K2A	NM_005028	Homo sapiens phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, type II, alpha (PIP5K2A), mRNA [NM_005028]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide vs Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P97283	0,47	0,00008	PAQR6	NM_024897	Homo sapiens progesterin and adipoQ receptor family member VI (PAQR6), transcript variant 1, mRNA [NM_024897]
A_23_P213959	0,47	0,00313	PPARGC1B	NM_133263	Homo sapiens peroxisome proliferator-activated receptor gamma, coactivator 1 beta (PPARGC1B), mRNA [NM_133263]
A_23_P98455	0,47	0,00405	LOH11CR2A	NM_014622	Homo sapiens loss of heterozygosity, 11, chromosomal region 2, gene A (LOH11CR2A), transcript variant 1, mRNA [NM_014622]
A_23_P121716	0,47	0,00989	ANXA3	NM_005139	Homo sapiens annexin A3 (ANXA3), mRNA [NM_005139]
A_23_P14559	0,47	0,00235	RIPK3	NM_006871	Homo sapiens receptor-interacting serine-threonine kinase 3 (RIPK3), mRNA [NM_006871]
A_24_P938236	0,47	0,00055	X03757	X03757	Human mRNA fragment for Na/K-ATPase alpha subunit. [X03757]
A_23_P114983	0,48	0,00673	TRIM63	NM_032588	Homo sapiens tripartite motif-containing 63 (TRIM63), mRNA [NM_032588]
A_24_P113815	0,48	0,00076	SLC35E2	NM_182838	Homo sapiens solute carrier family 35, member E2 (SLC35E2), mRNA [NM_182838]
A_23_P61590	0,48	0,00532	RAB7B	NM_177403	Homo sapiens RAB7B, member RAS oncogene family (RAB7B), mRNA [NM_177403]
A_24_P368943	0,48	0,00503	EVX1	NM_001989	Homo sapiens even-skipped homeobox 1 (EVX1), mRNA [NM_001989]
A_32_P437227	0,48	0,00043	FAM84B	NM_174911	Homo sapiens family with sequence similarity 84, member B (FAM84B), mRNA [NM_174911]
A_23_P335428	0,48	0,00076	HIBADH	NM_152740	Homo sapiens 3-hydroxyisobutyrate dehydrogenase (HIBADH), mRNA [NM_152740]
A_23_P315451	0,48	0,00673	KIRREL2	NM_199180	Homo sapiens kin of IRRE like 2 (Drosophila) (KIRREL2), transcript variant 3, mRNA [NM_199180]
A_24_P419028	0,48	0,00144	MOP-1	AB014771	Homo sapiens mRNA for MOP-1, complete cds. [AB014771]
A_23_P32955	0,48	0,00282	MERTK	U08023	Human cellular proto-oncogene (c-mer) mRNA, complete cds. [U08023]
A_23_P129101	0,48	0,00398	HEXA	NM_000520	Homo sapiens hexosaminidase A (alpha polypeptide) (HEXA), mRNA [NM_000520]
A_23_P3483	0,48	0,00034	CACNA1H	NM_021098	Homo sapiens calcium channel, voltage-dependent, T type, alpha 1H subunit (CACNA1H), transcript variant 1, mRNA [NM_021098]
A_24_P218688	0,48	0,00497	ALDH3B1	NM_000694	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 3 family, member B1 (ALDH3B1), transcript variant 1, mRNA [NM_000694]
A_23_P422071	0,49	0,00196	B3GALT4	NM_003782	Homo sapiens UDP-Gal:betaGlcNAc beta 1,3-galactosyltransferase, polypeptide 4 (B3GALT4), mRNA [NM_003782]
A_23_P139123	0,49	0,00051	SERPING1	NM_000062	Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade G (C1 inhibitor), member 1, (angioedema, hereditary) (SERPING1), transcript variant 1, mRNA [NM_000062]
A_24_P341538	0,49	0,00038	USP51	NM_201286	Homo sapiens ubiquitin specific peptidase 51 (USP51), mRNA [NM_201286]
A_23_P403335	0,49	0,00209	EXPH5	NM_015065	Homo sapiens exophilin 5 (EXPH5), mRNA [NM_015065]
A_23_P411431	0,49	0,00043	MTA3	ENST00000282366	Metastasis-associated protein MTA3. [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q9BTC8] [ENST00000282366]
A_23_P325498	0,49	0,00139	PCDHA8	NM_031856	Homo sapiens protocadherin alpha 8 (PCDHA8), transcript variant 2, mRNA [NM_031856]
A_23_P32253	0,49	0,00181	NFIL3	NM_005384	Homo sapiens nuclear factor, interleukin 3 regulated (NFIL3), mRNA [NM_005384]
A_23_P140450	0,49	0,00635	SLC27A2	NM_003645	Homo sapiens solute carrier family 27 (fatty acid transporter), member 2 (SLC27A2), mRNA [NM_003645]
A_23_P129157	0,49	0,00061	NEIL1	NM_024608	Homo sapiens nei endonuclease VIII-like 1 (E. coli) (NEIL1), mRNA [NM_024608]
A_23_P428129	0,49	0,00614	CDKN1C	NM_000076	Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 1C (p57, Kip2) (CDKN1C), mRNA [NM_000076]
A_24_P274270	0,49	0,00034	STAT1	NM_139266	Homo sapiens signal transducer and activator of transcription 1, 91kDa (STAT1), transcript variant beta, mRNA [NM_139266]
A_24_P91566	0,49	0,00935	BMP7	NM_001719	Homo sapiens bone morphogenetic protein 7 (osteogenic protein 1) (BMP7), mRNA [NM_001719]
A_24_P159227	0,49	0,00145	PAK6	NM_020168	Homo sapiens p21(CDKN1A)-activated kinase 6 (PAK6), mRNA [NM_020168]

Nombre de la Sonda	Ratio No Epitelioide vs Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P122852	0,49	0,00187	SMARCD3	NM_003078	Homo sapiens SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily d, member 3 (SMARCD3), transcript variant 2, mRNA [NM_003078]
A_23_P107735	0,49	0,00315	CD79A	NM_001783	Homo sapiens CD79a molecule, immunoglobulin-associated alpha (CD79A), transcript variant 1, mRNA [NM_001783]
A_32_P465742	0,49	0,00669	PIP5K1B	NM_003558	Homo sapiens phosphatidylinositol-4-phosphate 5-kinase, type I, beta (PIP5K1B), transcript variant 2, mRNA [NM_003558]
A_23_P11543	0,49	0,00029	FUCA1	NM_000147	Homo sapiens fucosidase, alpha-L-1, tissue (FUCA1), mRNA [NM_000147]
A_24_P124349	0,49	0,00104	PDGFD	NM_025208	Homo sapiens platelet derived growth factor D (PDGFD), transcript variant 1, mRNA [NM_025208]
A_24_P96961	0,49	0,00138	SPSB1	NM_025106	Homo sapiens splA/ryanodine receptor domain and SOCS box containing 1 (SPSB1), mRNA [NM_025106]
A_24_P919399	0,49	0,00188	ATP10D	NM_020453	Homo sapiens ATPase, Class V, type 10D (ATP10D), mRNA [NM_020453]
A_23_P324327	0,49	0,00446	GPRC5B	NM_016235	Homo sapiens G protein-coupled receptor, family C, group 5, member B (GPRC5B), mRNA [NM_016235]
A_23_P134744	0,50	0,00561	RNF122	NM_024787	Homo sapiens ring finger protein 122 (RNF122), mRNA [NM_024787]
A_23_P160177	0,50	0,00152	ATP1A4	NM_144699	Homo sapiens ATPase, Na+/K+ transporting, alpha 4 polypeptide (ATP1A4), transcript variant 1, mRNA [NM_144699]
A_23_P14804	0,50	0,00086	TSPAN3	NM_005724	Homo sapiens tetraspanin 3 (TSPAN3), transcript variant 1, mRNA [NM_005724]
A_32_P222695	0,50	0,00704	FLJ41603	NM_001001669	Homo sapiens FLJ41603 protein (FLJ41603), mRNA [NM_001001669]
A_24_P19410	0,50	0,00027	CBX7	NM_175709	Homo sapiens chromobox homolog 7 (CBX7), mRNA [NM_175709]
A_23_P213126	0,50	0,00284	BMP2K	AB015331	Homo sapiens HRIHFB2017 mRNA, partial cds. [AB015331]
A_24_P350576	0,50	0,00694	TNIK	AB011123	Homo sapiens mRNA for KIAA0551 protein, partial cds. [AB011123]
A_24_P230675	0,50	0,00115	SOCS2	NM_003877	Homo sapiens suppressor of cytokine signaling 2 (SOCS2), mRNA [NM_003877]
A_23_P6066	0,50	0,00979	CPXM1	NM_019609	Homo sapiens carboxypeptidase X (M14 family), member 1 (CPXM1), mRNA [NM_019609]
A_23_P118086	0,50	0,00509	SPATA2L	NM_152339	Homo sapiens spermatogenesis associated 2-like (SPATA2L), mRNA [NM_152339]
A_23_P2431	0,50	0,00122	C3AR1	NM_004054	Homo sapiens complement component 3a receptor 1 (C3AR1), mRNA [NM_004054]
A_32_P37592	0,50	0,00160	SCARNA17	NR_003003	Homo sapiens small Cajal body-specific RNA 17 (SCARNA17) on chromosome 18 [NR_003003]
A_23_P157795	0,50	0,00188	CTNNAL1	NM_003798	Homo sapiens catenin (cadherin-associated protein), alpha-like 1 (CTNNAL1), mRNA [NM_003798]

GENES REPRIMIDOS *IN VITRO*

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P89780	0,50	0,40	LAMA3	NM_198129	Homo sapiens laminin, alpha 3 (LAMA3), transcript variant 1, mRNA [NM_198129]
A_23_P21929	0,50	0,41	ADRA1B	NM_000679	Homo sapiens adrenergic, alpha-1B-, receptor (ADRA1B), mRNA [NM_000679]
A_24_P218688	0,49	0,41	ALDH3B1	NM_000694	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 3 family, member B1 (ALDH3B1), transcript variant 1, mRNA [NM_000694]
A_23_P203191	0,49	0,29	APOA1	NM_000039	Homo sapiens apolipoprotein A-1 (APOA1), mRNA [NM_000039]
A_23_P74115	0,49	0,48	RAD54L	NM_003579	Homo sapiens RAD54-like (S. cerevisiae) (RAD54L), mRNA [NM_003579]
A_23_P348146	0,49	0,50	SLAIN1	NM_144595	Homo sapiens SLAIN motif family, member 1 (SLAIN1), transcript variant 2, mRNA [NM_144595]
A_23_P5200	0,49	0,33	NPHS1	NM_004646	Homo sapiens nephrosis 1, congenital, Finnish type (nephirin) (NPHS1), mRNA [NM_004646]
A_23_P85460	0,49	0,44	CDKN2C	NM_001262	Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 2C (p18, inhibits CDK4) (CDKN2C), transcript variant 1, mRNA [NM_001262]
A_23_P250212	0,48	0,42	DKFZp761P0423	ENST00000330777	Tyrosine-protein kinase Sgk223 (EC 2.7.10.2) (Sugen kinase 223). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q86YV5] [ENST00000330777]
A_23_P23303	0,48	0,49	EXO1	NM_003686	Homo sapiens exonuclease 1 (EXO1), transcript variant 3, mRNA [NM_003686]
A_23_P122852	0,48	0,48	SMARCD3	NM_003078	Homo sapiens SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily d, member 3 (SMARCD3), transcript variant 2, mRNA [NM_003078]
A_23_P52278	0,48	0,42	KIF11	NM_004523	Homo sapiens kinesin family member 11 (KIF11), mRNA [NM_004523]
A_23_P308519	0,48	0,41	SLC9A3R1	NM_004252	Homo sapiens solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 3 regulator 1 (SLC9A3R1), mRNA [NM_004252]
A_23_P67799	0,48	0,39	TMEM37	NM_183240	Homo sapiens transmembrane protein 37 (TMEM37), mRNA [NM_183240]
A_23_P170037	0,48	0,37	MID1	NM_033290	Homo sapiens midline 1 (Opitz/BBB syndrome) (MID1), transcript variant 3, mRNA [NM_033290]
A_23_P429977	0,48	0,45	KCNQ1	NM_000218	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, KQT-like subfamily, member 1 (KCNQ1), transcript variant 1, mRNA [NM_000218]
A_32_P205637	0,48	0,48	PAR6B	NM_032521	Homo sapiens par-6 partitioning defective 6 homolog beta (C. elegans) (PAR6B), mRNA [NM_032521]
A_23_P82449	0,48	0,35	DFNA5	NM_004403	Homo sapiens deafness, autosomal dominant 5 (DFNA5), mRNA [NM_004403]
A_23_P87346	0,47	0,48	HBD	NM_000519	Homo sapiens hemoglobin, delta (HBD), mRNA [NM_000519]
A_23_P108170	0,47	0,33	PSG6	NM_002782	Homo sapiens pregnancy specific beta-1-glycoprotein 6 (PSG6), transcript variant 1, mRNA [NM_002782]
A_23_P7873	0,47	0,43	MCM3	NM_002388	Homo sapiens MCM3 minichromosome maintenance deficient 3 (S. cerevisiae) (MCM3), mRNA [NM_002388]
A_23_P140450	0,47	0,42	SLC27A2	NM_003645	Homo sapiens solute carrier family 27 (fatty acid transporter), member 2 (SLC27A2), mRNA [NM_003645]
A_24_P399888	0,47	0,50	CENPM	NM_001002876	Homo sapiens centromere protein M (CENPM), transcript variant 2, mRNA [NM_001002876]
A_24_P413884	0,47	0,41	CENPA	NM_001809	Homo sapiens centromere protein A (CENPA), transcript variant 1, mRNA [NM_001809]
A_23_P10385	0,47	0,43	DTL	NM_016448	Homo sapiens denticleless homolog (Drosophila) (DTL), mRNA [NM_016448]
A_23_P42282	0,47	0,32	C4B	NM_001002029	Homo sapiens complement component 4B (Chilido blood group) (C4B), mRNA [NM_001002029]
A_23_P214627	0,47	0,30	AIF1	NM_004847	Homo sapiens allograft inflammatory factor 1 (AIF1), transcript variant 2, mRNA [NM_004847]
A_23_P148475	0,46	0,47	KIF4A	NM_012310	Homo sapiens kinesin family member 4A (KIF4A), mRNA [NM_012310]
A_23_P14774	0,46	0,45	CTSH	NM_148979	Homo sapiens cathepsin H (CTSH), transcript variant 2, mRNA [NM_148979]
A_24_P38895	0,46	0,39	H2AFX	NM_002105	Homo sapiens H2A histone family, member X (H2AFX), mRNA [NM_002105]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P48835	0,46	0,46	KIF23	NM_138555	Homo sapiens kinesin family member 23 (KIF23), transcript variant 1, mRNA [NM_138555]
A_24_P124349	0,46	0,47	PDGFD	NM_025208	Homo sapiens platelet derived growth factor D (PDGFD), transcript variant 1, mRNA [NM_025208]
A_24_P256219	0,46	0,36	MAF	AF055376	Homo sapiens short form transcription factor C-MAF (c-maf) mRNA, complete cds. [AF055376]
A_23_P52697	0,46	0,34	CD248	NM_020404	Homo sapiens CD248 molecule, endosialin (CD248), mRNA [NM_020404]
A_23_P51085	0,45	0,45	SPC25	NM_020675	Homo sapiens SPC25, NDC80 kinetochore complex component, homolog (S. cerevisiae) (SPC25), mRNA [NM_020675]
A_23_P92042	0,45	0,47	ITPR1	NM_002222	Homo sapiens inositol 1,4,5-triphosphate receptor, type 1 (ITPR1), mRNA [NM_002222]
A_23_P71530	0,45	0,41	TNFRSF11B	NM_002546	Homo sapiens tumor necrosis factor receptor superfamily, member 11b (osteoprotegerin) (TNFRSF11B), mRNA [NM_002546]
A_23_P204958	0,45	0,44	LATS2	NM_014572	Homo sapiens LATS, large tumor suppressor, homolog 2 (Drosophila) (LATS2), mRNA [NM_014572]
A_23_P36825	0,45	0,37	GPRC5A	NM_003979	Homo sapiens G protein-coupled receptor, family C, group 5, member A (GPRC5A), mRNA [NM_003979]
A_23_P141802	0,45	0,39	SERPINF7	NM_003784	Homo sapiens serpin peptidase inhibitor, clade B (ovalbumin), member 7 (SERPINF7), transcript variant 1, mRNA [NM_003784]
A_23_P6822	0,45	0,49	ITIH3	NM_002217	Homo sapiens inter-alpha (globulin) inhibitor H3 (ITIH3), mRNA [NM_002217]
A_23_P132277	0,45	0,34	MCM5	NM_006739	Homo sapiens MCM5 minichromosome maintenance deficient 5, cell division cycle 46 (S. cerevisiae) (MCM5), mRNA [NM_006739]
A_23_P119254	0,44	0,43	ASF1B	NM_018154	Homo sapiens ASF1 anti-silencing function 1 homolog B (S. cerevisiae) (ASF1B), mRNA [NM_018154]
A_23_P74088	0,44	0,48	MMP23B	NM_006983	Homo sapiens matrix metalloproteinase 23B (MMP23B), mRNA [NM_006983]
A_23_P99292	0,44	0,40	RAD51AP1	NM_006479	Homo sapiens RAD51 associated protein 1 (RAD51AP1), mRNA [NM_006479]
A_23_P27795	0,44	0,39	SPINT2	NM_021102	Homo sapiens serine peptidase inhibitor, Kunitz type, 2 (SPINT2), mRNA [NM_021102]
A_24_P150023	0,44	0,34	KCNA4	NM_002233	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, member 4 (KCNA4), mRNA [NM_002233]
A_23_P72668	0,44	0,28	SDPR	NM_004657	Homo sapiens serum deprivation response (phosphatidylserine binding protein) (SDPR), mRNA [NM_004657]
A_23_P97339	0,43	0,39	SLC16A4	NM_004696	Homo sapiens solute carrier family 16, member 4 (monocarboxylic acid transporter 5) (SLC16A4), mRNA [NM_004696]
A_23_P18493	0,43	0,35	PTPN13	NM_080685	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 13 (APO-1/CD95 (Fas)-associated phosphatase) (PTPN13), transcript variant 4, mRNA [NM_080685]
A_23_P131866	0,43	0,44	AURKA	NM_198433	Homo sapiens aurora kinase A (AURKA), transcript variant 1, mRNA [NM_198433]
A_23_P107351	0,43	0,28	NLRP1	BC051787	Homo sapiens NLR family, pyrin domain containing 1, mRNA (cDNA clone MGC:57544 IMAGE:5756099), complete cds. [BC051787]
A_23_P93690	0,43	0,40	MCM7	NM_182776	Homo sapiens MCM7 minichromosome maintenance deficient 7 (S. cerevisiae) (MCM7), transcript variant 2, mRNA [NM_182776]
A_23_P369966	0,42	0,49	APOBEC3D	NM_152426	Homo sapiens apolipoprotein B mRNA editing enzyme, catalytic polypeptide-like 3D (putative) (APOBEC3D), mRNA [NM_152426]
A_23_P150935	0,42	0,46	TROAP	NM_005480	Homo sapiens trophinin associated protein (tastin) (TROAP), mRNA [NM_005480]
A_23_P138706	0,42	0,38	ADRA2A	NM_000681	Homo sapiens adrenergic, alpha-2A-, receptor (ADRA2A), mRNA [NM_000681]
A_23_P90710	0,42	0,22	DES	NM_001927	Homo sapiens desmin (DES), mRNA [NM_001927]
A_23_P168357	0,42	0,47	CPA1	NM_001868	Homo sapiens carboxypeptidase A1 (pancreatic) (CPA1), mRNA [NM_001868]
A_23_P395609	0,42	0,29	FAM110B	NM_147189	Homo sapiens family with sequence similarity 110, member B (FAM110B), mRNA [NM_147189]
A_23_P128084	0,42	0,36	ITGA7	NM_002206	Homo sapiens integrin, alpha 7 (ITGA7), mRNA [NM_002206]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P401904	0,42	0,48	PHF19	NM_001009936	Homo sapiens PHD finger protein 19 (PHF19), transcript variant 2, mRNA [NM_001009936]
A_23_P136347	0,42	0,48	EPS8	NM_004447	Homo sapiens epidermal growth factor receptor pathway substrate 8 (EPS8), mRNA [NM_004447]
A_23_P214944	0,41	0,47	ALDH8A1	NM_022568	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 8 family, member A1 (ALDH8A1), transcript variant 1, mRNA [NM_022568]
A_23_P201319	0,41	0,46	DISP1	NM_032890	Homo sapiens dispatched homolog 1 (Drosophila) (DISP1), mRNA [NM_032890]
A_23_P94422	0,41	0,45	MELK	NM_014791	Homo sapiens maternal embryonic leucine zipper kinase (MELK), mRNA [NM_014791]
A_23_P156687	0,41	0,28	CFB	NM_001710	Homo sapiens complement factor B (CFB), mRNA [NM_001710]
A_23_P385861	0,41	0,42	CDC42	NM_152562	Homo sapiens cell division cycle associated 2 (CDC42), mRNA [NM_152562]
A_23_P90612	0,41	0,42	MCM6	NM_005915	Homo sapiens minichromosome maintenance deficient 6 homolog (S. cerevisiae) (MCM6), mRNA [NM_005915]
A_23_P151150	0,41	0,38	FOXM1	NM_202002	Homo sapiens forkhead box M1 (FOXM1), transcript variant 1, mRNA [NM_202002]
A_24_P112160	0,41	0,15	UPK3B	NM_030570	Homo sapiens uroplakin 3B (UPK3B), transcript variant 1, mRNA [NM_030570]
A_23_P163481	0,41	0,36	BUB1B	NM_001211	Homo sapiens BUB1 budding uninhibited by benzimidazoles 1 homolog beta (yeast) (BUB1B), mRNA [NM_001211]
A_23_P129896	0,41	0,35	ALDH3A2	NM_000382	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 3 family, member A2 (ALDH3A2), transcript variant 2, mRNA [NM_000382]
A_24_P148796	0,41	0,44	MST1	NM_020998	Homo sapiens macrophage stimulating 1 (hepatocyte growth factor-like) (MST1), mRNA [NM_020998]
A_23_P139527	0,41	0,34	HPD	NM_002150	Homo sapiens 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase (HPD), mRNA [NM_002150]
A_23_P350574	0,41	0,43	FCRLB	NM_001002901	Homo sapiens Fc receptor-like B (FCRLB), mRNA [NM_001002901]
A_23_P102391	0,40	0,30	SLC40A1	NM_014585	Homo sapiens solute carrier family 40 (iron-regulated transporter), member 1 (SLC40A1), mRNA [NM_014585]
A_23_P14804	0,40	0,38	TSPAN3	NM_005724	Homo sapiens tetraspanin 3 (TSPAN3), transcript variant 1, mRNA [NM_005724]
A_23_P137381	0,40	0,39	ID3	NM_002167	Homo sapiens inhibitor of DNA binding 3, dominant negative helix-loop-helix protein (ID3), mRNA [NM_002167]
A_23_P80162	0,40	0,48	TMPRSS3	NM_032405	Homo sapiens transmembrane protease, serine 3 (TMPRSS3), transcript variant D, mRNA [NM_032405]
A_23_P54144	0,40	0,26	BMP4	NM_001202	Homo sapiens bone morphogenetic protein 4 (BMP4), transcript variant 1, mRNA [NM_001202]
A_23_P31873	0,40	0,40	RAB11FIP1	NM_001002233	Homo sapiens RAB11 family interacting protein 1 (class I) (RAB11FIP1), transcript variant 2, mRNA [NM_001002233]
A_23_P85441	0,40	0,35	IGSF9	NM_020789	Homo sapiens immunoglobulin superfamily, member 9 (IGSF9), mRNA [NM_020789]
A_23_P116898	0,40	0,50	A2M	NM_000014	Homo sapiens alpha-2-macroglobulin (A2M), mRNA [NM_000014]
A_23_P131676	0,40	0,44	CXCR7	NM_020311	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) receptor 7 (CXCR7), transcript variant 2, mRNA [NM_020311]
A_23_P84281	0,39	0,43	THC2603259	THC2603259	Q96IM5_HUMAN (Q96IM5) RAB7B protein, complete [THC2603259]
A_23_P74349	0,39	0,45	NUF2	NM_145697	Homo sapiens NUF2, NDC80 kinetochore complex component, homolog (S. cerevisiae) (NUF2), transcript variant 1, mRNA [NM_145697]
A_23_P120863	0,39	0,41	GAL3ST1	NM_004861	Homo sapiens galactose-3-O-sulfotransferase 1 (GAL3ST1), mRNA [NM_004861]
A_23_P121716	0,39	0,43	ANXA3	NM_005139	Homo sapiens annexin A3 (ANXA3), mRNA [NM_005139]
A_23_P96302	0,39	0,45	SPANXA1	NM_013453	Homo sapiens sperm protein associated with the nucleus, X-linked, family member A1 (SPANXA1), mRNA [NM_013453]
A_23_P205228	0,39	0,31	ATP7B	NM_000053	Homo sapiens ATPase, Cu++ transporting, beta polypeptide (ATP7B), transcript variant 1, mRNA [NM_000053]
A_23_P140748	0,39	0,32	NDRG4	NM_022910	Homo sapiens NDRG family member 4 (NDRG4), mRNA [NM_022910]
A_23_P162719	0,39	0,39	DIAPH3	NM_030932	Homo sapiens diaphanous homolog 3 (Drosophila) (DIAPH3), transcript variant 2, mRNA [NM_030932]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P28295	0,38	0,30	LRP2	NM_004525	Homo sapiens low density lipoprotein-related protein 2 (LRP2), mRNA [NM_004525]
A_24_P105747	0,38	0,40	AP1S3	NM_001039569	Homo sapiens adaptor-related protein complex 1, sigma 3 subunit (AP1S3), mRNA [NM_001039569]
A_23_P80032	0,38	0,38	E2F1	NM_005225	Homo sapiens E2F transcription factor 1 (E2F1), mRNA [NM_005225]
A_23_P19894	0,38	0,19	AQP1	NM_198098	Homo sapiens aquaporin 1 (Colton blood group) (AQP1), mRNA [NM_198098]
A_23_P127948	0,38	0,40	ADM	NM_001124	Homo sapiens adrenomedullin (ADM), mRNA [NM_001124]
A_23_P37704	0,38	0,37	CDT1	NM_030928	Homo sapiens chromatin licensing and DNA replication factor 1 (CDT1), mRNA [NM_030928]
A_23_P34345	0,38	0,44	VCAM1	NM_001078	Homo sapiens vascular cell adhesion molecule 1 (VCAM1), transcript variant 1, mRNA [NM_001078]
A_23_P345460	0,38	0,37	PLEKHG4	NM_015432	Homo sapiens pleckstrin homology domain containing, family G (with RhoGef domain) member 4 (PLEKHG4), mRNA [NM_015432]
A_23_P259586	0,38	0,38	TTK	NM_003318	Homo sapiens TTK protein kinase (TTK), mRNA [NM_003318]
A_23_P250102	0,38	0,47	CAND2	NM_012298	Homo sapiens cullin-associated and neddylation-dissociated 2 (putative) (CAND2), mRNA [NM_012298]
A_23_P163087	0,37	0,29	NID2	NM_007361	Homo sapiens nidogen 2 (osteonidogen) (NID2), mRNA [NM_007361]
A_23_P112531	0,37	0,40	FAM102A	NM_203305	Homo sapiens family with sequence similarity 102, member A (FAM102A), transcript variant 2, mRNA [NM_203305]
A_23_P5211	0,37	0,32	MUC16	NM_024690	Homo sapiens mucin 16, cell surface associated (MUC16), mRNA [NM_024690]
A_23_P127565	0,37	0,35	LAYN	NM_178834	Homo sapiens laylin (LAYN), mRNA [NM_178834]
A_32_P192376	0,37	0,28	ENPP1	ENST00000367994	Ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 1 (E-NPP 1) (Phosphodiesterase I/nucleotide pyrophosphatase 1) (Plasma-cell membrane glycoprotein PC-1) [Includes: Alkaline phosphodiesterase I (EC 3.1.4.1); Nucleotide pyrophosphatase (EC 3.6.1.9)]...
A_23_P92441	0,37	0,50	MAD2L1	NM_002358	Homo sapiens MAD2 mitotic arrest deficient-like 1 (yeast) (MAD2L1), mRNA [NM_002358]
A_23_P101505	0,37	0,30	KLK11	NM_144947	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 11 (KLK11), transcript variant 2, mRNA [NM_144947]
A_23_P64879	0,36	0,47	KCNJ8	NM_004982	Homo sapiens potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 8 (KCNJ8), mRNA [NM_004982]
A_23_P96285	0,36	0,42	REEP1	NM_022912	Homo sapiens receptor accessory protein 1 (REEP1), mRNA [NM_022912]
A_32_P197060	0,36	0,48	AF086124	AF086124	Homo sapiens full length insert cDNA clone ZA79C08. [AF086124]
A_23_P60130	0,36	0,35	MAL2	NM_052886	Homo sapiens mal, T-cell differentiation protein 2 (MAL2), mRNA [NM_052886]
A_23_P105862	0,36	0,32	FRY	NM_023037	Homo sapiens furry homolog (Drosophila) (FRY), mRNA [NM_023037]
A_23_P209337	0,36	0,49	FAM119A	NM_145280	Homo sapiens family with sequence similarity 119, member A (FAM119A), mRNA [NM_145280]
A_23_P161280	0,36	0,37	SPOCK2	NM_014767	Homo sapiens sparc/osteonectin, cwcv and kazal-like domains proteoglycan (testican) 2 (SPOCK2), mRNA [NM_014767]
A_23_P421493	0,36	0,46	HPR	NM_020995	Homo sapiens haptoglobin-related protein (HPR), mRNA [NM_020995]
A_23_P147665	0,36	0,38	OLFML1	NM_198474	Homo sapiens olfactomedin-like 1 (OLFML1), mRNA [NM_198474]
A_24_P53778	0,36	0,41	ITLN2	NM_080878	Homo sapiens intelectin 2 (ITLN2), mRNA [NM_080878]
A_23_P101960	0,35	0,23	ZFP36L2	NM_006887	Homo sapiens zinc finger protein 36, C3H type-like 2 (ZFP36L2), mRNA [NM_006887]
A_23_P50108	0,35	0,36	NDC80	NM_006101	Homo sapiens NDC80 homolog, kinetochore complex component (S. cerevisiae) (NDC80), mRNA [NM_006101]
A_23_P58321	0,35	0,34	CCNA2	NM_001237	Homo sapiens cyclin A2 (CCNA2), mRNA [NM_001237]
A_23_P52657	0,35	0,40	PYGM	ENST00000377444	Glycogen phosphorylase, muscle form (EC 2.4.1.1) (Myophosphorylase). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P11217] [ENST00000377444]
A_23_P59960	0,35	0,24	CRISPLD1	NM_031461	Homo sapiens cysteine-rich secretory protein LCCL domain containing 1 (CRISPLD1), mRNA [NM_031461]
A_23_P74619	0,35	0,39	SELENBP1	NM_003944	Homo sapiens selenium binding protein 1 (SELENBP1), mRNA [NM_003944]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_32_P150891	0,35	0,40	DIAPH3	NM_001042517	Homo sapiens diaphanous homolog 3 (Drosophila) (DIAPH3), transcript variant 1, mRNA [NM_001042517]
A_24_P74828	0,35	0,46	MT1JP	AF348994	Homo sapiens MTB (MTB) mRNA, complete cds. [AF348994]
A_23_P258493	0,35	0,30	LMNB1	NM_005573	Homo sapiens lamin B1 (LMNB1), mRNA [NM_005573]
A_24_P29445	0,34	0,45	TMEM14B	NM_030969	Homo sapiens transmembrane protein 14B (TMEM14B), mRNA [NM_030969]
A_23_P27315	0,34	0,32	EMILIN2	NM_032048	Homo sapiens elastin microfibril interfacer 2 (EMILIN2), mRNA [NM_032048]
A_32_P96719	0,34	0,31	SHCBP1	NM_024745	Homo sapiens SHC SH2-domain binding protein 1 (SHCBP1), mRNA [NM_024745]
A_23_P101992	0,34	0,29	MARCO	NM_006770	Homo sapiens macrophage receptor with collagenous structure (MARCO), mRNA [NM_006770]
A_32_P5276	0,34	0,46	SGEF	AB073386	Homo sapiens infant liver cDNA, clone:HM1FN1864, full insert sequence. [AB073386]
A_23_P88731	0,34	0,39	RAD51	NM_002875	Homo sapiens RAD51 homolog (RecA homolog, E. coli) (S. cerevisiae) (RAD51), transcript variant 1, mRNA [NM_002875]
A_23_P259621	0,34	0,43	LAT2	NM_032463	Homo sapiens linker for activation of T cells family, member 2 (LAT2), transcript variant 2, mRNA [NM_032463]
A_23_P133956	0,34	0,34	KIFC1	NM_002263	Homo sapiens kinesin family member C1 (KIFC1), mRNA [NM_002263]
A_24_P356916	0,34	0,44	SLC13A3	NM_001011554	Homo sapiens solute carrier family 13 (sodium-dependent dicarboxylate transporter), member 3 (SLC13A3), transcript variant 2, mRNA [NM_001011554]
A_23_P78099	0,34	0,26	VTN	NM_000638	Homo sapiens vitronectin (VTN), mRNA [NM_000638]
A_23_P97700	0,34	0,16	TXNIP	NM_006472	Homo sapiens thioredoxin interacting protein (TXNIP), mRNA [NM_006472]
A_23_P171074	0,34	0,40	ITM2A	NM_004867	Homo sapiens integral membrane protein 2A (ITM2A), mRNA [NM_004867]
A_23_P501007	0,34	0,42	EFEMP1	NM_004105	Homo sapiens EGF-containing fibulin-like extracellular matrix protein 1 (EFEMP1), transcript variant 1, mRNA [NM_004105]
A_23_P385295	0,34	0,42	AP1S3	BC021898	Homo sapiens adaptor-related protein complex 1, sigma 3 subunit, mRNA (cDNA clone MGC:17284 IMAGE:4340257), complete cds. [BC021898]
A_23_P355517	0,33	0,33	SYNPO2L	NM_024875	Homo sapiens synaptopodin 2-like (SYNPO2L), mRNA [NM_024875]
A_23_P325690	0,33	0,47	ANKRD35	NM_144698	Homo sapiens ankyrin repeat domain 35 (ANKRD35), mRNA [NM_144698]
A_23_P149200	0,33	0,31	CDC20	NM_001255	Homo sapiens cell division cycle 20 homolog (S. cerevisiae) (CDC20), mRNA [NM_001255]
A_23_P69908	0,33	0,48	GLRX	NM_002064	Homo sapiens glutaredoxin (thioltransferase) (GLRX), mRNA [NM_002064]
A_23_P3532	0,33	0,26	LITAF	NM_004862	Homo sapiens lipopolysaccharide-induced TNF factor (LITAF), mRNA [NM_004862]
A_24_P912799	0,33	0,31	SEMA5A	ENST00000382496	Semaphorin-5A precursor (Semaphorin F) (Sema F). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q13591] [ENST00000382496]
A_23_P166109	0,33	0,38	FLRT3	NM_198391	Homo sapiens fibronectin leucine rich transmembrane protein 3 (FLRT3), transcript variant 2, mRNA [NM_198391]
A_23_P104651	0,32	0,34	CDC45	NM_080668	Homo sapiens cell division cycle associated 5 (CDC45), mRNA [NM_080668]
A_24_P416079	0,32	0,31	NUSAP1	NM_016359	Homo sapiens nucleolar and spindle associated protein 1 (NUSAP1), transcript variant 1, mRNA [NM_016359]
A_23_P87351	0,32	0,40	RRM1	NM_001033	Homo sapiens ribonucleotide reductase M1 polypeptide (RRM1), mRNA [NM_001033]
A_23_P68610	0,32	0,24	TPX2	NM_012112	Homo sapiens TPX2, microtubule-associated, homolog (Xenopus laevis) (TPX2), mRNA [NM_012112]
A_23_P66241	0,32	0,47	MT1M	NM_176870	Homo sapiens metallothionein 1M (MT1M), mRNA [NM_176870]
A_23_P124417	0,32	0,30	BUB1	NM_004336	Homo sapiens BUB1 budding uninhibited by benzimidazoles 1 homolog (yeast) (BUB1), mRNA [NM_004336]
A_23_P93442	0,32	0,31	SASH1	NM_015278	Homo sapiens SAM and SH3 domain containing 1 (SASH1), mRNA [NM_015278]
A_23_P255672	0,32	0,27	ABLIM2	NM_032432	Homo sapiens actin binding LIM protein family, member 2 (ABLIM2), mRNA [NM_032432]
A_23_P319423	0,31	0,29	KCNK5	NM_003740	Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 5 (KCNK5), mRNA [NM_003740]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P44421	0,31	0,50	HTRA4	NM_153692	Homo sapiens Htra serine peptidase 4 (HTRA4), mRNA [NM_153692]
A_23_P415443	0,31	0,36	NCAPH	NM_015341	Homo sapiens non-SMC condensin I complex, subunit H (NCAPH), mRNA [NM_015341]
A_23_P9293	0,31	0,27	TJP2	NM_004817	Homo sapiens tight junction protein 2 (zona occludens 2) (TJP2), transcript variant 1, mRNA [NM_004817]
A_32_P190303	0,31	0,47	LONRF2	NM_198461	Homo sapiens LON peptidase N-terminal domain and ring finger 2 (LONRF2), mRNA [NM_198461]
A_23_P154037	0,31	0,30	AOX1	NM_001159	Homo sapiens aldehyde oxidase 1 (AOX1), mRNA [NM_001159]
A_23_P49972	0,31	0,33	CDC6	NM_001254	Homo sapiens cell division cycle 6 homolog (S. cerevisiae) (CDC6), mRNA [NM_001254]
A_23_P156880	0,31	0,33	ENPP1	NM_006208	Homo sapiens ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 1 (ENPP1), mRNA [NM_006208]
A_23_P200866	0,30	0,31	STMN1	NM_203401	Homo sapiens stathmin 1/onnoprotein 18 (STMN1), transcript variant 1, mRNA [NM_203401]
A_24_P124624	0,30	0,38	OLR1	NM_002543	Homo sapiens oxidized low density lipoprotein (lectin-like) receptor 1 (OLR1), mRNA [NM_002543]
A_23_P104798	0,30	0,43	IL18	NM_001562	Homo sapiens interleukin 18 (interferon-gamma-inducing factor) (IL18), mRNA [NM_001562]
A_23_P49878	0,30	0,33	FAM64A	NM_019013	Homo sapiens family with sequence similarity 64, member A (FAM64A), mRNA [NM_019013]
A_23_P105803	0,30	0,26	FGF9	NM_002010	Homo sapiens fibroblast growth factor 9 (glia-activating factor) (FGF9), mRNA [NM_002010]
A_23_P76538	0,30	0,46	TESC	NM_017899	Homo sapiens tescalcin (TESC), mRNA [NM_017899]
A_23_P50096	0,29	0,27	TYMS	NM_001071	Homo sapiens thymidylate synthetase (TYMS), mRNA [NM_001071]
A_23_P69537	0,29	0,33	NMU	NM_006681	Homo sapiens neuromedin U (NMU), mRNA [NM_006681]
A_23_P323751	0,29	0,29	FAM83D	NM_030919	Homo sapiens family with sequence similarity 83, member D (FAM83D), mRNA [NM_030919]
A_23_P57379	0,29	0,35	CDC45L	NM_003504	Homo sapiens CDC45 cell division cycle 45-like (S. cerevisiae) (CDC45L), mRNA [NM_003504]
A_23_P114185	0,29	0,25	TSPAN7	NM_004615	Homo sapiens tetraspanin 7 (TSPAN7), mRNA [NM_004615]
A_23_P41424	0,29	0,30	SLC39A8	NM_022154	Homo sapiens solute carrier family 39 (zinc transporter), member 8 (SLC39A8), mRNA [NM_022154]
A_24_P105102	0,29	0,29	PKMYT1	NM_182687	Homo sapiens protein kinase, membrane associated tyrosine/threonine 1 (PKMYT1), transcript variant 2, mRNA [NM_182687]
A_23_P257871	0,29	0,28	DAB2	NM_001343	Homo sapiens disabled homolog 2, mitogen-responsive phosphoprotein (Drosophila) (DAB2), mRNA [NM_001343]
A_23_P118246	0,28	0,27	GINS2	NM_016095	Homo sapiens GINS complex subunit 2 (Psf2 homolog) (GINS2), mRNA [NM_016095]
A_23_P161297	0,28	0,24	OGDHL	NM_018245	Homo sapiens oxoglutarate dehydrogenase-like (OGDHL), mRNA [NM_018245]
A_23_P167328	0,28	0,43	CD38	NM_001775	Homo sapiens CD38 molecule (CD38), mRNA [NM_001775]
A_23_P18579	0,28	0,38	PTTG2	NM_006607	Homo sapiens pituitary tumor-transforming 2 (PTTG2), mRNA [NM_006607]
A_23_P215328	0,28	0,28	SFRP4	NM_003014	Homo sapiens secreted frizzled-related protein 4 (SFRP4), mRNA [NM_003014]
A_23_P52017	0,27	0,36	ASPM	NM_018136	Homo sapiens asp (abnormal spindle) homolog, microcephaly associated (Drosophila) (ASPM), mRNA [NM_018136]
A_23_P155765	0,27	0,34	HMGB2	NM_002129	Homo sapiens high-mobility group box 2 (HMGB2), mRNA [NM_002129]
A_23_P426021	0,27	0,36	KIAA0746	NM_015187	Homo sapiens KIAA0746 protein (KIAA0746), mRNA [NM_015187]
A_23_P217570	0,27	0,29	CAPN6	NM_014289	Homo sapiens calpain 6 (CAPN6), mRNA [NM_014289]
A_23_P420551	0,27	0,28	CIT	NM_007174	Homo sapiens citron (rho-interacting, serine/threonine kinase 21) (CIT), mRNA [NM_007174]
A_23_P304682	0,27	0,37	ENST00000320378	ENST00000320378	Epithelial membrane protein 2 (EMP-2) (Protein XMP). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P54851] [ENST00000320378]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P303833	0,27	0,37	SCN4B	NM_174934	Homo sapiens sodium channel, voltage-gated, type IV, beta (SCN4B), mRNA [NM_174934]
A_23_P34788	0,27	0,26	KIF2C	NM_006845	Homo sapiens kinesin family member 2C (KIF2C), mRNA [NM_006845]
A_23_P397376	0,27	0,38	MAF	NM_005360	Homo sapiens v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog (avian) (MAF), transcript variant 1, mRNA [NM_005360]
A_32_P107876	0,26	0,25	FRAS1	NM_025074	Homo sapiens Fraser syndrome 1 (FRAS1), mRNA [NM_025074]
A_23_P48669	0,26	0,28	CDKN3	NM_005192	Homo sapiens cyclin-dependent kinase inhibitor 3 (CDK2-associated dual specificity phosphatase) (CDKN3), mRNA [NM_005192]
A_23_P63789	0,26	0,26	ZWINT	NM_001005414	Homo sapiens ZW10 interactor (ZWINT), transcript variant 4, mRNA [NM_001005414]
A_23_P254733	0,26	0,36	MLF1IP	NM_024629	Homo sapiens MLF1 interacting protein (MLF1IP), mRNA [NM_024629]
A_23_P121926	0,26	0,27	SEPP1	NM_005410	Homo sapiens selenoprotein P, plasma, 1 (SEPP1), mRNA [NM_005410]
A_23_P50081	0,26	0,27	IMPA2	NM_014214	Homo sapiens inositol(myo)-1(or 4)-monophosphatase 2 (IMPA2), mRNA [NM_014214]
A_23_P89509	0,26	0,27	SPAG5	NM_006461	Homo sapiens sperm associated antigen 5 (SPAG5), mRNA [NM_006461]
A_23_P106682	0,25	0,35	EMP2	NM_001424	Homo sapiens epithelial membrane protein 2 (EMP2), mRNA [NM_001424]
A_23_P208779	0,25	0,25	EPS8L1	NM_133180	Homo sapiens EPS8-like 1 (EPS8L1), transcript variant 1, mRNA [NM_133180]
A_23_P122197	0,25	0,31	CCNB1	NM_031966	Homo sapiens cyclin B1 (CCNB1), mRNA [NM_031966]
A_23_P206059	0,25	0,26	PRC1	NM_003981	Homo sapiens protein regulator of cytokinesis 1 (PRC1), transcript variant 1, mRNA [NM_003981]
A_23_P379614	0,25	0,33	OIP5	NM_007280	Homo sapiens Opa interacting protein 5 (OIP5), mRNA [NM_007280]
A_24_P31627	0,25	0,29	KCNB1	NM_004975	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, Shab-related subfamily, member 1 (KCNB1), mRNA [NM_004975]
A_23_P398854	0,25	0,35	DOK7	NM_173660	Homo sapiens docking protein 7 (DOK7), mRNA [NM_173660]
A_23_P19754	0,24	0,24	CPA4	NM_016352	Homo sapiens carboxypeptidase A4 (CPA4), mRNA [NM_016352]
A_23_P70007	0,23	0,26	HMMR	NM_012484	Homo sapiens hyaluronan-mediated motility receptor (HMMR) (HMMR), transcript variant 1, mRNA [NM_012484]
A_23_P157795	0,23	0,32	CTNNAL1	NM_003798	Homo sapiens catenin (cadherin-associated protein), alpha-like 1 (CTNNAL1), mRNA [NM_003798]
A_23_P256956	0,23	0,21	KIF20A	NM_005733	Homo sapiens kinesin family member 20A (KIF20A), mRNA [NM_005733]
A_23_P95790	0,23	0,20	ITLN1	NM_017625	Homo sapiens intelectin 1 (galactofuranose binding) (ITLN1), mRNA [NM_017625]
A_23_P153571	0,23	0,29	IGFL2	NM_001002915	Homo sapiens IGF-like family member 2 (IGFL2), mRNA [NM_001002915]
A_24_P555066	0,23	0,17	SMTNL2	NM_198501	Homo sapiens smoothelin-like 2 (SMTNL2), mRNA [NM_198501]
A_23_P94338	0,23	0,16	ENPP2	NM_006209	Homo sapiens ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 2 (autotoxin) (ENPP2), transcript variant 1, mRNA [NM_006209]
A_23_P83134	0,23	0,20	GAS1	NM_002048	Homo sapiens growth arrest-specific 1 (GAS1), mRNA [NM_002048]
A_23_P7636	0,22	0,28	PTTG1	NM_004219	Homo sapiens pituitary tumor-transforming 1 (PTTG1), mRNA [NM_004219]
A_23_P500886	0,21	0,23	CLDN15	NM_014343	Homo sapiens claudin 15 (CLDN15), transcript variant 1, mRNA [NM_014343]
A_23_P375	0,21	0,27	CDC48	NM_018101	Homo sapiens cell division cycle associated 8 (CDC48), mRNA [NM_018101]
A_32_P62997	0,21	0,24	PBK	NM_018492	Homo sapiens PDZ binding kinase (PBK), mRNA [NM_018492]
A_23_P153480	0,21	0,15	KLK5	NM_012427	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 5 (KLK5), transcript variant 1, mRNA [NM_012427]
A_23_P137173	0,21	0,27	TMSL8	NM_021992	Homo sapiens thymosin-like 8 (TMSL8), mRNA [NM_021992]
A_23_P107911	0,21	0,21	KLK10	NM_002776	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 10 (KLK10), transcript variant 1, mRNA [NM_002776]
A_23_P118834	0,21	0,21	TOP2A	NM_001067	Homo sapiens topoisomerase (DNA) II alpha 170kDa (TOP2A), mRNA [NM_001067]
A_23_P28466	0,21	0,27	WDR69	NM_178821	Homo sapiens WD repeat domain 69 (WDR69), mRNA [NM_178821]
A_23_P212050	0,21	0,32	BCHE	NM_000055	Homo sapiens butyrylcholinesterase (BCHE), mRNA [NM_000055]
A_23_P70307	0,21	0,24	SMOC2	NM_022138	Homo sapiens SPARC related modular calcium binding 2 (SMOC2), mRNA [NM_022138]
A_23_P146946	0,21	0,23	CST6	NM_001323	Homo sapiens cystatin E/M (CST6), mRNA [NM_001323]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P138507	0,21	0,23	CDC2	NM_001786	Homo sapiens cell division cycle 2, G1 to S and G2 to M (CDC2), transcript variant 1, mRNA [NM_001786]
A_23_P215060	0,20	0,13	PODXL	NM_005397	Homo sapiens podocalyxin-like (PODXL), transcript variant 2, mRNA [NM_005397]
A_23_P88331	0,20	0,21	DLG7	NM_014750	Homo sapiens discs, large homolog 7 (Drosophila) (DLG7), mRNA [NM_014750]
A_23_P356684	0,20	0,18	ANLN	NM_018685	Homo sapiens anillin, actin binding protein (ANLN), mRNA [NM_018685]
A_23_P12082	0,20	0,26	CHI3L2	NM_004000	Homo sapiens chitinase 3-like 2 (CHI3L2), transcript variant 1, mRNA [NM_004000]
A_23_P155815	0,19	0,22	NCAPG	NM_022346	Homo sapiens non-SMC condensin I complex, subunit G (NCAPG), mRNA [NM_022346]
A_23_P217379	0,19	0,17	COL4A6	NM_033641	Homo sapiens collagen, type IV, alpha 6 (COL4A6), transcript variant B, mRNA [NM_033641]
A_23_P415706	0,19	0,16	ENST00000376682	ENST00000376682	Probable G-protein coupled receptor 133 precursor (G-protein coupled receptor PGR25), [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q6QNK2][ENST00000376682]
A_23_P59375	0,18	0,19	ID4	NM_001546	Homo sapiens inhibitor of DNA binding 4, dominant negative helix-loop-helix protein (ID4), mRNA [NM_001546]
A_23_P252306	0,18	0,27	ID1	NM_002165	Homo sapiens inhibitor of DNA binding 1, dominant negative helix-loop-helix protein (ID1), transcript variant 1, mRNA [NM_002165]
A_23_P369343	0,18	0,25	KLK8	NM_144505	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 8 (KLK8), transcript variant 2, mRNA [NM_144505]
A_23_P65757	0,17	0,24	CCNB2	NM_004701	Homo sapiens cyclin B2 (CCNB2), mRNA [NM_004701]
A_23_P15174	0,16	0,23	MT1F	NM_005949	Homo sapiens metallothionein 1F (MT1F), mRNA [NM_005949]
A_23_P91230	0,16	0,34	SLPI	NM_003064	Homo sapiens secretory leukocyte peptidase inhibitor (SLPI), mRNA [NM_003064]
A_23_P115872	0,15	0,18	CEP55	NM_018131	Homo sapiens centrosomal protein 55kDa (CEP55), mRNA [NM_018131]
A_23_P170649	0,15	0,23	RPEP	NM_153225	Homo sapiens RPE-spondin (RPEP), mRNA [NM_153225]
A_23_P99642	0,15	0,17	SLC7A7	NM_003982	Homo sapiens solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 7 (SLC7A7), mRNA [NM_003982]
A_23_P73501	0,15	0,25	SPANXD	NM_032417	Homo sapiens SPANX family, member D (SPANXD), mRNA [NM_032417]
A_23_P113793	0,15	0,18	ZBED2	NM_024508	Homo sapiens zinc finger, BED-type containing 2 (ZBED2), mRNA [NM_024508]
A_23_P18078	0,14	0,24	RARRES1	NM_002888	Homo sapiens retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 1 (RARRES1), transcript variant 2, mRNA [NM_002888]
A_23_P316410	0,14	0,22	NOX1	NM_013954	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1S, mRNA [NM_013954]
A_24_P297539	0,14	0,14	UBE2C	NM_181803	Homo sapiens ubiquitin-conjugating enzyme E2C (UBE2C), transcript variant 6, mRNA [NM_181803]
A_23_P304921	0,14	0,14	NOX1	NM_013955	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1Lv, mRNA [NM_013955]
A_23_P217280	0,14	0,16	NOX1	NM_007052	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1L, mRNA [NM_007052]
A_23_P167129	0,13	0,17	HHIP	NM_022475	Homo sapiens hedgehog interacting protein (HHIP), mRNA [NM_022475]
A_23_P26865	0,12	0,13	MYH3	NM_002470	Homo sapiens myosin, heavy chain 3, skeletal muscle, embryonic (MYH3), mRNA [NM_002470]
A_23_P44674	0,12	0,15	CRIP1	NM_001311	Homo sapiens cysteine-rich protein 1 (intestinal) (CRIP1), mRNA [NM_001311]
A_23_P117852	0,12	0,16	KIAA0101	NM_014736	Homo sapiens KIAA0101 (KIAA0101), transcript variant 1, mRNA [NM_014736]
A_24_P305784	0,12	0,20	SPANXB2	NM_145664	Homo sapiens SPANX family, member B2 (SPANXB2), mRNA [NM_145664]
A_23_P91390	0,11	0,10	THBD	NM_000361	Homo sapiens thrombomodulin (THBD), mRNA [NM_000361]
A_24_P52597	0,11	0,15	CYP17A1	NM_000102	Homo sapiens cytochrome P450, family 17, subfamily A, polypeptide 1 (CYP17A1), mRNA [NM_000102]
A_32_P107617	0,11	0,15	SFTPD	NM_003019	Homo sapiens surfactant, pulmonary-associated protein D (SFTPD), mRNA [NM_003019]
A_23_P256470	0,10	0,25	NPY	NM_000905	Homo sapiens neuropeptide Y (NPY), mRNA [NM_000905]
A_23_P206359	0,10	0,17	CDH1	NM_004360	Homo sapiens cadherin 1, type 1, E-cadherin (epithelial) (CDH1), mRNA [NM_004360]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_24_P200219	0,10	0,14	UPK1B	NM_006952	Homo sapiens uroplakin 1B (UPK1B), mRNA [NM_006952]
A_23_P118815	0,10	0,11	BIRC5	NM_001012271	Homo sapiens baculoviral IAP repeat-containing 5 (survivin) (BIRC5), transcript variant 3, mRNA [NM_001012271]
A_32_P231617	0,10	0,16	TM4SF1	NM_014220	Homo sapiens transmembrane 4 L six family member 1 (TM4SF1), mRNA [NM_014220]
A_23_P206760	0,09	0,19	HP	NM_005143	Homo sapiens haptoglobin (HP), mRNA [NM_005143]
A_23_P107421	0,07	0,10	TK1	NM_003258	Homo sapiens thymidine kinase 1, soluble (TK1), mRNA [NM_003258]
A_23_P65618	0,06	0,08	TGM1	NM_000359	Homo sapiens transglutaminase 1 (K polypeptide epidermal type 1, protein-glutamine-gamma-glutamyltransferase) (TGM1), mRNA [NM_000359]
A_23_P160286	0,05	0,07	PRG4	NM_005807	Homo sapiens proteoglycan 4 (PRG4), mRNA [NM_005807]
A_23_P39056	0,04	0,06	KLK7	NM_005046	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 7 (KLK7), transcript variant 1, mRNA [NM_005046]

GENES REPRIMIDOS *IN VITRO* Y EL FENOTIPO EPITELIOIDE

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio Epitelioides	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P203191	0,49	0,29	0,11	0,00000	APOA1	NM_000039	Homo sapiens apolipoprotein A-I (APOA1), mRNA [NM_000039]
A_23_P348146	0,49	0,50	0,49	0,00075	SLAIN1	NM_144595	Homo sapiens SLAIN motif family, member 1 (SLAIN1), transcript variant 2, mRNA [NM_144595]
A_23_P5200	0,49	0,33	0,23	0,00004	NPHS1	NM_004646	Homo sapiens nephrosis 1, congenital, Finnish type (nephtrin) (NPHS1), mRNA [NM_004646]
A_23_P250212	0,48	0,42	0,31	0,00010	DKFZp761P0423	ENST000000330777	Tyrosine-protein kinase SgK223 (EC 2.7.10.2) (Sugen kinase 223), [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q86YV5] [ENST000000330777]
A_23_P170037	0,48	0,37	0,45	0,00002	MID1	NM_033290	Homo sapiens midline 1 (Optiz/BBB syndrome) (MID1), transcript variant 3, mRNA [NM_033290]
A_23_P87346	0,47	0,48	0,36	0,00024	HBD	NM_000519	Homo sapiens hemoglobin, delta (HBD), mRNA [NM_000519]
A_23_P214627	0,47	0,30	0,43	0,00058	AIF1	NM_004847	Homo sapiens allograft inflammatory factor 1 (AIF1), transcript variant 2, mRNA [NM_004847]
A_23_P92042	0,45	0,47	0,41	0,00035	ITPR1	NM_002222	Homo sapiens inositol 1,4,5-trisphosphate receptor, type 1 (ITPR1), mRNA [NM_002222]
A_23_P6822	0,45	0,49	0,38	0,00020	ITIH3	NM_002217	Homo sapiens inter-alpha (globulin) inhibitor H3 (ITIH3), mRNA [NM_002217]
A_32_P13555	0,44	0,32	0,14	0,00001	THC2687340	THC2687340	ALU6_HUMAN (P39193) Alu subfamily SP sequence contamination warning entry, partial (13%) [THC2687340]
A_24_P150023	0,44	0,34	0,35	0,00001	KCNA4	NM_002233	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, member 4 (KCNA4), mRNA [NM_002233]
A_23_P18493	0,43	0,35	0,49	0,00042	PTPN13	NM_080685	Homo sapiens protein tyrosine phosphatase, non-receptor type 13 (APO-1/CD95 (Fas)-associated phosphatase) (PTPN13), transcript variant 4, mRNA [NM_080685]
A_23_P107351	0,43	0,28	0,37	0,00002	NLRP1	BC051787	Homo sapiens NLR family, pyrin domain containing 1, mRNA (cDNA clone MGC:57544 IMAGE:5756099), complete cds. [BC051787]
A_23_P138706	0,42	0,38	0,20	0,00003	ADRA2A	NM_000681	Homo sapiens adrenergic, alpha-2A-, receptor (ADRA2A), mRNA [NM_000681]
A_23_P128084	0,42	0,36	0,50	0,00254	ITGA7	NM_002206	Homo sapiens integrin, alpha 7 (ITGA7), mRNA [NM_002206]
A_23_P214944	0,41	0,47	0,46	0,00000	ALDH8A1	NM_022568	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 8 family, member A1 (ALDH8A1), transcript variant 1, mRNA [NM_022568]
A_23_P201319	0,41	0,46	0,49	0,00013	DISP1	NM_032890	Homo sapiens dispatched homolog 1 (Drosophila) (DISP1), mRNA [NM_032890]
A_23_P156687	0,41	0,28	0,45	0,00562	CFB	NM_001710	Homo sapiens complement factor B (CFB), mRNA [NM_001710]
A_24_P112160	0,41	0,15	0,48	0,00108	UPK3B	NM_030570	Homo sapiens uroplakin 3B (UPK3B), transcript variant 1, mRNA [NM_030570]
A_23_P139527	0,41	0,34	0,45	0,00001	HPD	NM_002150	Homo sapiens 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase (HPD), mRNA [NM_002150]
A_23_P350574	0,41	0,43	0,45	0,00002	FCRLB	NM_001002901	Homo sapiens Fc receptor-like B (FCRLB), mRNA [NM_001002901]
A_23_P80162	0,40	0,48	0,43	0,00188	TMPRSS3	NM_032405	Homo sapiens transmembrane protease, serine 3 (TMPRSS3), transcript variant D, mRNA [NM_032405]
A_23_P131676	0,40	0,44	0,46	0,00496	CXCR7	NM_020311	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) receptor 7 (CXCR7), transcript variant 2, mRNA [NM_020311]
A_23_P120863	0,39	0,41	0,42	0,00049	GAL3ST1	NM_004861	Homo sapiens galactose-3-O-sulfotransferase 1 (GAL3ST1), mRNA [NM_004861]
A_23_P5211	0,37	0,32	0,45	0,00181	MUC16	NM_024690	Homo sapiens mucin 16, cell surface associated (MUC16), mRNA [NM_024690]
A_23_P101505	0,37	0,30	0,47	0,00121	KLK11	NM_144947	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 11 (KLK11), transcript variant 2, mRNA [NM_144947]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P64879	0,36	0,47	0,34	0,00020	KCNJ8	NM_004982	Homo sapiens potassium inwardly-rectifying channel, subfamily J, member 8 (KCNJ8), mRNA [NM_004982]
A_23_P96285	0,36	0,42	0,44	0,00044	REEP1	NM_022912	Homo sapiens receptor accessory protein 1 (REEP1), mRNA [NM_022912]
A_23_P60130	0,36	0,35	0,16	0,00001	MAL2	NM_052886	Homo sapiens mal, T-cell differentiation protein 2 (MAL2), mRNA [NM_052886]
A_23_P161280	0,36	0,37	0,18	0,00000	SPOCK2	NM_014767	Homo sapiens sparc/osteonectin, ovcv and kazal-like domains proteoglycan (testican) 2 (SPOCK2), mRNA [NM_014767]
A_23_P421493	0,36	0,46	0,28	0,00009	HPR	NM_020995	Homo sapiens haptoglobin-related protein (HPR), mRNA [NM_020995]
A_24_P356916	0,34	0,44	0,49	0,00035	SLC13A3	NM_001011554	Homo sapiens solute carrier family 13 (sodium-dependent dicarboxylate transporter), member 3 (SLC13A3), transcript variant 2, mRNA [NM_001011554]
A_23_P78099	0,34	0,26	0,24	0,00006	VTN	NM_000638	Homo sapiens vitronectin (VTN), mRNA [NM_000638]
A_23_P97700	0,34	0,16	0,13	0,00093	TXNIP	NM_006472	Homo sapiens thioredoxin interacting protein (TXNIP), mRNA [NM_006472]
A_23_P171074	0,34	0,40	0,32	0,00100	ITM2A	NM_004867	Homo sapiens integral membrane protein 2A (ITM2A), mRNA [NM_004867]
A_23_P325690	0,33	0,47	0,46	0,00044	ANKRD35	NM_144698	Homo sapiens ankyrin repeat domain 35 (ANKRD35), mRNA [NM_144698]
A_23_P3532	0,33	0,26	0,48	0,00083	LITAF	NM_004862	Homo sapiens lipopolysaccharide-induced TNF factor (LITAF), mRNA [NM_004862]
A_23_P93442	0,32	0,31	0,50	0,00019	SASH1	NM_015278	Homo sapiens SAM and SH3 domain containing 1 (SASH1), mRNA [NM_015278]
A_23_P319423	0,31	0,29	0,45	0,00165	KCNK5	NM_003740	Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 5 (KCNK5), mRNA [NM_003740]
A_32_P190303	0,31	0,47	0,47	0,00013	LONRF2	NM_198461	Homo sapiens LON peptidase N-terminal domain and ring finger 2 (LONRF2), mRNA [NM_198461]
A_23_P154037	0,31	0,30	0,47	0,00168	AOX1	NM_001159	Homo sapiens aldehyde oxidase 1 (AOX1), mRNA [NM_001159]
A_23_P104798	0,30	0,43	0,34	0,00007	IL18	NM_001562	Homo sapiens interleukin 18 (interferon-gamma-inducing factor) (IL18), mRNA [NM_001562]
A_23_P105803	0,30	0,26	0,32	0,00147	FGF9	NM_002010	Homo sapiens fibroblast growth factor 9 (glia-activating factor) (FGF9), mRNA [NM_002010]
A_23_P114185	0,29	0,25	0,31	0,00005	TSPAN7	NM_004615	Homo sapiens tetraspanin 7 (TSPAN7), mRNA [NM_004615]
A_23_P217570	0,27	0,29	0,31	0,00065	CAPN6	NM_014289	Homo sapiens calpain 6 (CAPN6), mRNA [NM_014289]
A_23_P208779	0,25	0,25	0,22	0,00233	EPS8L1	NM_133180	Homo sapiens EPS8-like 1 (EPS8L1), transcript variant 1, mRNA [NM_133180]
A_24_P31627	0,25	0,29	0,27	0,00027	KCNB1	NM_004975	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, Shab-related subfamily, member 1 (KCNB1), mRNA [NM_004975]
A_23_P19754	0,24	0,24	0,31	0,00031	CPA4	NM_016352	Homo sapiens carboxypeptidase A4 (CPA4), mRNA [NM_016352]
A_23_P153571	0,23	0,29	0,12	0,00009	IGFL2	NM_001002915	Homo sapiens IG-like family member 2 (IGFL2), mRNA [NM_001002915]
A_24_P555066	0,23	0,17	0,22	0,00010	SMTNL2	NM_198501	Homo sapiens smoothelin-like 2 (SMTNL2), mRNA [NM_198501]
A_23_P83134	0,23	0,20	0,39	0,00028	GAS1	NM_002048	Homo sapiens growth arrest-specific 1 (GAS1), mRNA [NM_002048]
A_23_P500886	0,21	0,23	0,38	0,00019	CLDN15	NM_014343	Homo sapiens claudin 15 (CLDN15), transcript variant 1, mRNA [NM_014343]
A_23_P153480	0,21	0,15	0,15	0,00002	KLK5	NM_012427	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 5 (KLK5), transcript variant 1, mRNA [NM_012427]
A_23_P107911	0,21	0,21	0,43	0,00067	KLK10	NM_002776	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 10 (KLK10), transcript variant 1, mRNA [NM_002776]
A_23_P146946	0,21	0,23	0,11	0,00001	CST6	NM_001323	Homo sapiens cystatin E/M (CST6), mRNA [NM_001323]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P215060	0,20	0,13	0,11	0,00059	PODXL	NM_005397	Homo sapiens podocalyxin-like (PODXL), transcript variant 2, mRNA [NM_005397]
A_23_P12082	0,20	0,26	0,27	0,00000	CHI3L2	NM_004000	Homo sapiens chitinase 3-like 2 (CHI3L2), transcript variant 1, mRNA [NM_004000]
A_23_P217379	0,19	0,17	0,45	0,00820	COL4A6	NM_033641	Homo sapiens collagen, type IV, alpha 6 (COL4A6), transcript variant B, mRNA [NM_033641]
A_23_P415706	0,19	0,16	0,28	0,00014	ENST000000376682	ENST000000376682	Probable G-protein coupled receptor 133 precursor (G-protein coupled receptor PGR25), [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q6QNK2] [ENST000000376682]
A_23_P369343	0,18	0,25	0,19	0,00008	KLK8	NM_144505	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 8 (KLK8), transcript variant 2, mRNA [NM_144505]
A_23_P91230	0,16	0,34	0,16	0,00001	SLPI	NM_003064	Homo sapiens secretory leukocyte peptidase inhibitor (SLPI), mRNA [NM_003064]
A_23_P73501	0,15	0,25	0,31	0,00031	SPANXD	NM_032417	Homo sapiens SPANX family, member D (SPANXD), mRNA [NM_032417]
A_23_P113793	0,15	0,18	0,21	0,00020	ZBED2	NM_024508	Homo sapiens zinc finger, BED-type containing 2 (ZBED2), mRNA [NM_024508]
A_23_P18078	0,14	0,24	0,29	0,00012	RARRES1	NM_002888	Homo sapiens retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 1 (RARRES1), transcript variant 2, mRNA [NM_002888]
A_23_P316410	0,14	0,22	0,35	0,00173	NOX1	NM_013954	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1S, mRNA [NM_013954]
A_23_P304921	0,14	0,14	0,27	0,00044	NOX1	NM_013955	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1Lv, mRNA [NM_013955]
A_23_P217280	0,14	0,16	0,31	0,00036	NOX1	NM_007052	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1L, mRNA [NM_007052]
A_23_P167129	0,13	0,17	0,17	0,00012	HHIP	NM_022475	Homo sapiens hedgehog interacting protein (HHIP), mRNA [NM_022475]
A_23_P26865	0,12	0,13	0,15	0,00008	MYH3	NM_002470	Homo sapiens myosin, heavy chain 3, skeletal muscle, embryonic (MYH3), mRNA [NM_002470]
A_23_P44674	0,12	0,15	0,21	0,00019	CRIP1	NM_001311	Homo sapiens cysteine-rich protein 1 (intestinal) (CRIP1), mRNA [NM_001311]
A_24_P305784	0,12	0,20	0,33	0,00095	SPANXB2	NM_145664	Homo sapiens SPANX family, member B2 (SPANXB2), mRNA [NM_145664]
A_23_P91390	0,11	0,10	0,30	0,00714	THBD	NM_000361	Homo sapiens thrombomodulin (THBD), mRNA [NM_000361]
A_24_P52597	0,11	0,15	0,14	0,00000	CYP17A1	NM_000102	Homo sapiens cytochrome P450, family 17, subfamily A, polypeptide 1 (CYP17A1), mRNA [NM_000102]
A_32_P107617	0,11	0,15	0,15	0,00083	SFTPD	NM_003019	Homo sapiens surfactant, pulmonary-associated protein D (SFTPD), mRNA [NM_003019]
A_23_P206359	0,10	0,17	0,39	0,00395	CDH1	NM_004360	Homo sapiens cadherin 1, type 1, E-cadherin (epithelial) (CDH1), mRNA [NM_004360]
A_24_P200219	0,10	0,14	0,24	0,00003	UPK1B	NM_006952	Homo sapiens uroplakin 1B (UPK1B), mRNA [NM_006952]
A_32_P231617	0,10	0,16	0,32	0,00063	TM4SF1	NM_014220	Homo sapiens transmembrane 4 L six family member 1 (TM4SF1), mRNA [NM_014220]
A_23_P206760	0,09	0,19	0,24	0,00018	HP	NM_005143	Homo sapiens haptoglobin (HP), mRNA [NM_005143]
A_23_P65618	0,06	0,08	0,09	0,00011	TGM1	NM_000359	Homo sapiens transglutaminase 1 (K polypeptide epidermal type I, protein-glutamine-gamma-glutamyltransferase) (TGM1), mRNA [NM_000359]
A_23_P39056	0,04	0,06	0,09	0,00003	KLK7	NM_005046	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 7 (KLK7), transcript variant 1, mRNA [NM_005046]

GENES REPRIMIDOS *IN VITRO* Y EL FENOTIPO NO EPITELIOIDE

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P89780	0,50	0,40	0,50	0,00024	LAMA3	NM_198129	Homo sapiens laminin, alpha 3 (LAMA3), transcript variant 1, mRNA [NM_198129]
A_23_P21929	0,50	0,41	0,37	0,00005	ADRA1B	NM_000679	Homo sapiens adrenergic, alpha-1B-, receptor (ADRA1B), mRNA [NM_000679]
A_24_P218688	0,49	0,41	0,41	0,00002	ALDH3B1	NM_000694	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 3 family, member B1 (ALDH3B1), transcript variant 1, mRNA [NM_000694]
A_23_P203191	0,49	0,29	0,13	0,00000	APOA1	NM_000039	Homo sapiens apolipoprotein A-I (APOA1), mRNA [NM_000039]
A_23_P348146	0,49	0,50	0,24	0,00005	SLAIN1	NM_144595	Homo sapiens SLAIN motif family, member 1 (SLAIN1), transcript variant 2, mRNA [NM_144595]
A_23_P5200	0,49	0,33	0,13	0,00000	NPHS1	NM_004646	Homo sapiens nephrosis 1, congenital, Finnish type (nephrosin) (NPHS1), mRNA [NM_004646]
A_23_P250212	0,48	0,42	0,24	0,00002	DKFZp761P0423	ENST00000330777	Tyrosine-protein kinase Sgk223 (EC 2.7.10.2) (Sugen kinase 223). [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q86YV5] [ENST00000330777]
A_23_P122852	0,48	0,48	0,44	0,00002	SMARCD3	NM_003078	Homo sapiens SWI/SNF related, matrix associated, actin dependent regulator of chromatin, subfamily d, member 3 (SMARCD3), transcript variant 2, mRNA [NM_003078]
A_23_P308519	0,48	0,41	0,38	0,00222	SLC9A3R1	NM_004252	Homo sapiens solute carrier family 9 (sodium/hydrogen exchanger), member 3 regulator 1 (SLC9A3R1), mRNA [NM_004252]
A_23_P67799	0,48	0,39	0,37	0,00044	TMEM37	NM_183240	Homo sapiens transmembrane protein 37 (TMEM37), mRNA [NM_183240]
A_23_P170037	0,48	0,37	0,41	0,00008	MID1	NM_033290	Homo sapiens midline 1 (Opitz/BBB syndrome) (MID1), transcript variant 3, mRNA [NM_033290]
A_23_P429977	0,48	0,45	0,15	0,00000	KCNQ1	NM_000218	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, KQT-like subfamily, member 1 (KCNQ1), transcript variant 1, mRNA [NM_000218]
A_32_P205637	0,48	0,48	0,34	0,00078	PARD6B	NM_032521	Homo sapiens par-6 partitioning defective 6 homolog beta (C. elegans) (PARD6B), mRNA [NM_032521]
A_23_P82449	0,48	0,35	0,29	0,00000	DFNA5	NM_004403	Homo sapiens deafness, autosomal dominant 5 (DFNA5), mRNA [NM_004403]
A_23_P87346	0,47	0,48	0,20	0,00015	HBD	NM_000519	Homo sapiens hemoglobin, delta (HBD), mRNA [NM_000519]
A_23_P140450	0,47	0,42	0,34	0,00010	SLC27A2	NM_003645	Homo sapiens solute carrier family 27 (fatty acid transporter), member 2 (SLC27A2), mRNA [NM_003645]
A_23_P42282	0,47	0,32	0,31	0,00007	C4B	NM_001002029	Homo sapiens complement component 4B (Childo blood group) (C4B), mRNA [NM_001002029]
A_23_P214627	0,47	0,30	0,12	0,00000	AIF1	NM_004847	Homo sapiens allograft inflammatory factor 1 (AIF1), transcript variant 2, mRNA [NM_004847]
A_24_P124349	0,46	0,47	0,38	0,00004	PDGFD	NM_025208	Homo sapiens platelet derived growth factor D (PDGFD), transcript variant 1, mRNA [NM_025208]
A_24_P256219	0,46	0,36	0,40	0,00458	MAF	AF055376	Homo sapiens short form transcription factor C-MAF (c-maf) mRNA, complete cds. [AF055376]
A_23_P92042	0,45	0,47	0,44	0,00014	ITPR1	NM_002222	Homo sapiens inositol 1,4,5-triphosphate receptor, type 1 (ITPR1), mRNA [NM_002222]
A_23_P36825	0,45	0,37	0,35	0,00008	GPRC5A	NM_003979	Homo sapiens G protein-coupled receptor, family C, group 5, member A (GPRC5A), mRNA [NM_003979]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P6822	0,45	0,49	0,30	0,00025	ITIH3	NM_002217	Homo sapiens inter-alpha (globulin) inhibitor H3 (ITIH3), mRNA [NM_002217]
A_23_P27795	0,44	0,39	0,15	0,00000	SPINT2	NM_021102	Homo sapiens serine peptidase inhibitor, Kunitz type, 2 (SPINT2), mRNA [NM_021102]
A_24_P150023	0,44	0,34	0,24	0,00000	KCNA4	NM_002233	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, member 4 (KCNA4), mRNA [NM_002233]
A_23_P97339	0,43	0,39	0,37	0,00003	SLC16A4	NM_004696	Homo sapiens solute carrier family 16, member 4 (monocarboxylic acid transporter 5) (SLC16A4), mRNA [NM_004696]
A_23_P107351	0,43	0,28	0,34	0,00001	NLRP1	BC051787	Homo sapiens NLR family, pyrin domain containing 1, mRNA (cdna clone MGC:57544 IMAGE:5756099), complete cds. [BC051787]
A_23_P138706	0,42	0,38	0,21	0,00000	ADRA2A	NM_000681	Homo sapiens adrenergic, alpha-2A-, receptor (ADRA2A), mRNA [NM_000681]
A_23_P90710	0,42	0,22	0,21	0,00014	DES	NM_001927	Homo sapiens desmin (DES), mRNA [NM_001927]
A_23_P168357	0,42	0,47	0,49	0,00017	CPA1	NM_001868	Homo sapiens carboxypeptidase A1 (pancreatic) (CPA1), mRNA [NM_001868]
A_23_P395609	0,42	0,29	0,26	0,00001	FAM110B	NM_147189	Homo sapiens family with sequence similarity 110, member B (FAM110B), mRNA [NM_147189]
A_23_P128084	0,42	0,36	0,26	0,00186	ITGA7	NM_002206	Homo sapiens integrin, alpha 7 (ITGA7), mRNA [NM_002206]
A_23_P214944	0,41	0,47	0,26	0,00000	ALDH8A1	NM_022568	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 8 family, member A1 (ALDH8A1), transcript variant 1, mRNA [NM_022568]
A_23_P201319	0,41	0,46	0,46	0,00025	DISP1	NM_032890	Homo sapiens dispatched homolog 1 (Drosophila) (DISP1), mRNA [NM_032890]
A_23_P156687	0,41	0,28	0,12	0,00001	CFB	NM_001710	Homo sapiens complement factor B (CFB), mRNA [NM_001710]
A_24_P112160	0,41	0,15	0,15	0,00000	UPK3B	NM_030570	Homo sapiens uroplakin 3B (UPK3B), transcript variant 1, mRNA [NM_030570]
A_23_P129896	0,41	0,35	0,49	0,00150	ALDH3A2	NM_000382	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 3 family, member A2 (ALDH3A2), transcript variant 2, mRNA [NM_000382]
A_24_P148796	0,41	0,44	0,42	0,00004	MST1	NM_020998	Homo sapiens macrophage stimulating 1 (hepatocyte growth factor-like) (MST1), mRNA [NM_020998]
A_23_P139527	0,41	0,34	0,39	0,00000	HPD	NM_002150	Homo sapiens 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase (HPD), mRNA [NM_002150]
A_23_P102391	0,40	0,30	0,15	0,00003	SLC40A1	NM_014585	Homo sapiens solute carrier family 40 (iron-regulated transporter), member 1 (SLC40A1), mRNA [NM_014585]
A_23_P14804	0,40	0,38	0,37	0,00004	TSPAN3	NM_005724	Homo sapiens tetraspanin 3 (TSPAN3), transcript variant 1, mRNA [NM_005724]
A_23_P137381	0,40	0,39	0,47	0,00183	ID3	NM_002167	Homo sapiens inhibitor of DNA binding 3, dominant negative helix-loop-helix protein (ID3), mRNA [NM_002167]
A_23_P80162	0,40	0,48	0,21	0,00001	TMPRSS3	NM_032405	Homo sapiens transmembrane protease, serine 3 (TMPRSS3), transcript variant D, mRNA [NM_032405]
A_23_P54144	0,40	0,26	0,24	0,00000	BMP4	NM_001202	Homo sapiens bone morphogenetic protein 4 (BMP4), transcript variant 1, mRNA [NM_001202]
A_23_P31873	0,40	0,40	0,20	0,00000	RAB11FIP1	NM_001002233	Homo sapiens RAB11 family interacting protein 1 (class I) (RAB11FIP1), transcript variant 2, mRNA [NM_001002233]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P85441	0,40	0,35	0,41	0,00042	IGSF9	NM_020799	Homo sapiens immunoglobulin superfamily, member 9 (IGSF9), mRNA [NM_020789]
A_23_P131676	0,40	0,44	0,26	0,00005	CXCR7	NM_020311	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) receptor 7 (CXCR7), transcript variant 2, mRNA [NM_020311]
A_23_P84281	0,39	0,43	0,30	0,00001	THC2603259	THC2603259	Q96IM5_HUMAN (Q96IM5) RAB7B protein, complete [THC2603259]
A_23_P120863	0,39	0,41	0,29	0,00005	GAL3ST1	NM_004861	Homo sapiens galactose-3-O-sulfotransferase 1 (GAL3ST1), mRNA [NM_004861]
A_23_P121716	0,39	0,43	0,37	0,00069	ANXA3	NM_005139	Homo sapiens annexin A3 (ANXA3), mRNA [NM_005139]
A_23_P96302	0,39	0,45	0,37	0,00003	SPANXA1	NM_013453	Homo sapiens sperm protein associated with the nucleus, X-linked, family member A1 (SPANXA1), mRNA [NM_013453]
A_23_P205228	0,39	0,31	0,30	0,00000	ATP7B	NM_000053	Homo sapiens ATPase, Cu++ transporting, beta polypeptide (ATP7B), transcript variant 1, mRNA [NM_000053]
A_23_P140748	0,39	0,32	0,20	0,00032	NDRG4	NM_022910	Homo sapiens NDRG family member 4 (NDRG4), mRNA [NM_022910]
A_23_P28295	0,38	0,30	0,30	0,00000	LRP2	NM_004525	Homo sapiens low density lipoprotein-related protein 2 (LRP2), mRNA [NM_004525]
A_23_P19894	0,38	0,19	0,24	0,00005	AQP1	NM_198098	Homo sapiens aquaporin 1 (Colton blood group) (AQP1), mRNA [NM_198098]
A_23_P250102	0,38	0,47	0,36	0,00012	CAND2	NM_012298	Homo sapiens cullin-associated and neddylation-dissociated 2 (putative) (CAND2), mRNA [NM_012298]
A_23_P163087	0,37	0,29	0,43	0,00090	NID2	NM_007361	Homo sapiens nidogen 2 (osteonidogen) (NID2), mRNA [NM_007361]
A_23_P5211	0,37	0,32	0,18	0,00000	MUC16	NM_024690	Homo sapiens mucin 16, cell surface associated (MUC16), mRNA [NM_024690]
A_24_P272313	0,37	0,32	0,20	0,00000	C2orf55	NM_207362	Homo sapiens similar to 201030C02Rik protein (MGC42367), mRNA [NM_207362]
A_32_P192376	0,37	0,28	0,21	0,00001	ENPP1	ENST00000367994	Ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 1 (E-NPP 1) (Phosphodiesterase I/nucleotide pyrophosphatase 1) (Plasma-cell membrane glycoprotein PC-1) [Includes: Alkaline phosphodiesterase I (EC 3.1.4.1); Nucleotide pyrophosphatase (EC 3.6.1.9)...]
A_23_P101505	0,37	0,30	0,11	0,00003	KLK11	NM_144947	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 11 (KLK11), transcript variant 2, mRNA [NM_144947]
A_23_P96285	0,36	0,42	0,31	0,00001	REEP1	NM_022912	Homo sapiens receptor accessory protein 1 (REEP1), mRNA [NM_022912]
A_23_P60130	0,36	0,35	0,16	0,00001	MAL2	NM_052886	Homo sapiens mal, T-cell differentiation protein 2 (MAL2), mRNA [NM_052886]
A_23_P105862	0,36	0,32	0,36	0,00095	FRY	NM_023037	Homo sapiens furry homolog (Drosophila) (FRY), mRNA [NM_023037]
A_23_P209337	0,36	0,49	0,47	0,00001	FAM119A	NM_145280	Homo sapiens family with sequence similarity 119, member A (FAM119A), mRNA [NM_145280]
A_23_P161280	0,36	0,37	0,12	0,00000	SPOCK2	NM_014767	Homo sapiens sparc/osteonectin, cwcv and kazal-like domains proteoglycan (testican) 2 (SPOCK2), mRNA [NM_014767]
A_23_P421493	0,36	0,46	0,15	0,00000	HPR	NM_020995	Homo sapiens haptoglobin-related protein (HPR), mRNA [NM_020995]
A_23_P147665	0,36	0,38	0,43	0,00001	OLFML1	NM_198474	Homo sapiens olfactomedin-like 1 (OLFML1), mRNA [NM_198474]
A_24_P53778	0,36	0,41	0,37	0,00323	ITLN2	NM_080878	Homo sapiens intelectin 2 (ITLN2), mRNA [NM_080878]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P101960	0,35	0,23	0,31	0,00008	ZFP36L2	NM_006887	Homo sapiens zinc finger protein 36, C3H type-like 2 (ZFP36L2), mRNA [NM_006887]
A_23_P52657	0,35	0,40	0,45	0,00001	PYGM	ENST00000377444	Glycogen phosphorylase, muscle form (EC 2.4.1.1) (Myophosphorylase). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:P11217] [ENST00000377444]
A_23_P59960	0,35	0,24	0,22	0,00000	CRISPLD1	NM_031461	Homo sapiens cysteine-rich secretory protein LCCL domain containing 1 (CRISPLD1), mRNA [NM_031461]
A_23_P74619	0,35	0,39	0,43	0,00014	SELENBP1	NM_003944	Homo sapiens selenium binding protein 1 (SELENBP1), mRNA [NM_003944]
A_23_P27315	0,34	0,32	0,47	0,00562	EMILIN2	NM_032048	Homo sapiens elastin microfibril interfacer 2 (EMILIN2), mRNA [NM_032048]
A_23_P101992	0,34	0,29	0,26	0,00016	MARCO	NM_006770	Homo sapiens macrophage receptor with collagenous structure (MARCO), mRNA [NM_006770]
A_24_P356916	0,34	0,44	0,29	0,00000	SLC13A3	NM_001011554	Homo sapiens solute carrier family 13 (sodium-dependent dicarboxylate transporter), member 3 (SLC13A3), transcript variant 2, mRNA [NM_001011554]
A_23_P78099	0,34	0,26	0,16	0,00000	VTN	NM_000638	Homo sapiens vitronectin (VTN), mRNA [NM_000638]
A_23_P97700	0,34	0,16	0,20	0,00001	TXNIP	NM_006472	Homo sapiens thioredoxin interacting protein (TXNIP), mRNA [NM_006472]
A_23_P171074	0,34	0,40	0,14	0,00002	ITM2A	NM_004867	Homo sapiens integral membrane protein 2A (ITM2A), mRNA [NM_004867]
A_23_P355517	0,33	0,33	0,30	0,00164	SYNPO2L	NM_024875	Homo sapiens synaptopodin 2-like (SYNPO2L), mRNA [NM_024875]
A_23_P325690	0,33	0,47	0,46	0,00454	ANKRD35	NM_144698	Homo sapiens ankyrin repeat domain 35 (ANKRD35), mRNA [NM_144698]
A_23_P3532	0,33	0,26	0,26	0,00000	LITAF	NM_004862	Homo sapiens lipopolysaccharide-induced TNF factor (LITAF), mRNA [NM_004862]
A_24_P912799	0,33	0,31	0,40	0,00095	SEMA5A	ENST00000382496	Semaphorin-5A precursor (Semaphorin F) (Sema F). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q13591] [ENST00000382496]
A_23_P93442	0,32	0,31	0,19	0,00000	SASH1	NM_015278	Homo sapiens SAM and SH3 domain containing 1 (SASH1), mRNA [NM_015278]
A_23_P255672	0,32	0,27	0,12	0,00000	ABLIM2	NM_032432	Homo sapiens actin binding LIM protein family, member 2 (ABLIM2), mRNA [NM_032432]
A_23_P319423	0,31	0,29	0,28	0,00011	KCNK5	NM_003740	Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 5 (KCNK5), mRNA [NM_003740]
A_23_P44421	0,31	0,50	0,35	0,00045	HTRA4	NM_153692	Homo sapiens Htra serine peptidase 4 (HTRA4), mRNA [NM_153692]
A_32_P190303	0,31	0,47	0,28	0,00003	LONRF2	NM_198461	Homo sapiens LON peptidase N-terminal domain and ring finger 2 (LONRF2), mRNA [NM_198461]
A_23_P154037	0,31	0,30	0,41	0,00047	AOX1	NM_001159	Homo sapiens aldehyde oxidase 1 (AOX1), mRNA [NM_001159]
A_23_P156880	0,31	0,33	0,17	0,00001	ENPP1	NM_006208	Homo sapiens ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 1 (ENPP1), mRNA [NM_006208]
A_24_P124624	0,30	0,38	0,23	0,00013	OLR1	NM_002543	Homo sapiens oxidized low density lipoprotein (lectin-like) receptor 1 (OLR1), mRNA [NM_002543]
A_23_P104798	0,30	0,43	0,27	0,00068	IL18	NM_001562	Homo sapiens interleukin 18 (interferon-gamma-inducing factor) (IL18), mRNA [NM_001562]
A_23_P105803	0,30	0,26	0,18	0,00002	FGF9	NM_002010	Homo sapiens fibroblast growth factor 9 (glia-activating factor) (FGF9), mRNA [NM_002010]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P76538	0,30	0,46	0,28	0,00023	TESC	NM_017899	Homo sapiens tescalcin (TESC), mRNA [NM_017899]
A_23_P69537	0,29	0,33	0,23	0,00046	NMU	NM_006681	Homo sapiens neuromedin U (NMU), mRNA [NM_006681]
A_23_P114185	0,29	0,25	0,20	0,00000	TSPAN7	NM_004615	Homo sapiens tetraspanin 7 (TSPAN7), mRNA [NM_004615]
A_23_P41424	0,29	0,30	0,26	0,00140	SLC39A8	NM_022154	Homo sapiens solute carrier family 39 (zinc transporter), member 8 (SLC39A8), mRNA [NM_022154]
A_23_P257871	0,29	0,28	0,33	0,00006	DAB2	NM_001343	Homo sapiens disabled homolog 2, mitogen-responsive phosphoprotein (Drosophila) (DAB2), mRNA [NM_001343]
A_23_P161297	0,28	0,24	0,13	0,00005	OGDHL	NM_018245	Homo sapiens oxoglutarate dehydrogenase-like (OGDHL), mRNA [NM_018245]
A_23_P426021	0,27	0,36	0,36	0,00006	KIAA0746	NM_015187	Homo sapiens KIAA0746 protein (KIAA0746), mRNA [NM_015187]
A_23_P217570	0,27	0,29	0,18	0,00006	CAPN6	NM_014289	Homo sapiens calpain 6 (CAPN6), mRNA [NM_014289]
A_23_P303833	0,27	0,37	0,24	0,00000	SCN4B	NM_174934	Homo sapiens sodium channel, voltage-gated, type IV, beta (SCN4B), mRNA [NM_174934]
A_23_P397376	0,27	0,38	0,26	0,00086	MAF	NM_005360	Homo sapiens v-maf musculoaponeurotic fibrosarcoma oncogene homolog (avian) (MAF), transcript variant 1, mRNA [NM_005360]
A_32_P107876	0,26	0,25	0,40	0,00017	FRAS1	NM_025074	Homo sapiens Fraser syndrome 1 (FRAS1), mRNA [NM_025074]
A_23_P121926	0,26	0,27	0,09	0,00098	SEPP1	NM_005410	Homo sapiens selenoprotein P, plasma, 1 (SEPP1), mRNA [NM_005410]
A_23_P50081	0,26	0,27	0,38	0,00039	IMPA2	NM_014214	Homo sapiens inositol(myo)-1(or 4)-monophosphatase 2 (IMPA2), mRNA [NM_014214]
A_23_P208779	0,25	0,25	0,07	0,00000	EPS8L1	NM_133180	Homo sapiens EPS8-like 1 (EPS8L1), transcript variant 1, mRNA [NM_133180]
A_24_P31627	0,25	0,29	0,09	0,00000	KCNB1	NM_004975	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, Shab-related subfamily, member 1 (KCNB1), mRNA [NM_004975]
A_23_P398854	0,25	0,35	0,24	0,00001	DOK7	NM_173660	Homo sapiens docking protein 7 (DOK7), mRNA [NM_173660]
A_23_P19754	0,24	0,24	0,15	0,00000	CPA4	NM_016352	Homo sapiens carboxypeptidase A4 (CPA4), mRNA [NM_016352]
A_23_P95790	0,23	0,20	0,09	0,00003	ITLN1	NM_017625	Homo sapiens intelectin 1 (galactofuranose binding) (ITLN1), mRNA [NM_017625]
A_23_P153571	0,23	0,29	0,09	0,00000	IGFL2	NM_001002915	Homo sapiens IGF-like family member 2 (IGFL2), mRNA [NM_001002915]
A_24_P555066	0,23	0,17	0,10	0,00000	SMTNL2	NM_198501	Homo sapiens smoothelin-like 2 (SMTNL2), mRNA [NM_198501]
A_23_P94338	0,23	0,16	0,33	0,00007	ENPP2	NM_006209	Homo sapiens ectonucleotide pyrophosphatase/phosphodiesterase 2 (autotaxin) (ENPP2), transcript variant 1, mRNA [NM_006209]
A_23_P83134	0,23	0,20	0,19	0,00003	GAS1	NM_002048	Homo sapiens growth arrest-specific 1 (GAS1), mRNA [NM_002048]
A_23_P500886	0,21	0,23	0,20	0,00000	CLDN15	NM_014343	Homo sapiens claudin 15 (CLDN15), transcript variant 1, mRNA [NM_014343]
A_23_P153480	0,21	0,15	0,09	0,00000	KLK5	NM_012427	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 5 (KLK5), transcript variant 1, mRNA [NM_012427]
A_23_P107911	0,21	0,21	0,15	0,00000	KLK10	NM_002776	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 10 (KLK10), transcript variant 1, mRNA [NM_002776]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P212050	0,21	0,32	0,28	0,00004	BCHE	NM_000055	Homo sapiens butyrylcholinesterase (BCHE), mRNA [NM_000055]
A_23_P70307	0,21	0,24	0,24	0,00324	SMOC2	NM_022138	Homo sapiens SPARC related modular calcium binding 2 (SMOC2), mRNA [NM_022138]
A_23_P146946	0,21	0,23	0,09	0,00000	CST6	NM_001323	Homo sapiens cystatin E/M (CST6), mRNA [NM_001323]
A_23_P215060	0,20	0,13	0,14	0,00001	PODXL	NM_005397	Homo sapiens podocalyxin-like (PODXL), transcript variant 2, mRNA [NM_005397]
A_23_P12082	0,20	0,26	0,14	0,00000	CHI3L2	NM_004000	Homo sapiens chitinase 3-like 2 (CHI3L2), transcript variant 1, mRNA [NM_004000]
A_23_P217379	0,19	0,17	0,17	0,00059	COL4A6	NM_033641	Homo sapiens collagen, type IV, alpha 6 (COL4A6), transcript variant B, mRNA [NM_033641]
A_23_P415706	0,19	0,16	0,16	0,00000	ENST000000376682	ENST000000376682	Probable G-protein coupled receptor 133 precursor (G-protein coupled receptor PGR25). [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q6QNK2] [ENST000000376682]
A_23_P59375	0,18	0,19	0,21	0,00063	ID4	NM_001546	Homo sapiens inhibitor of DNA binding 4, dominant negative helix-loop-helix protein (ID4), mRNA [NM_001546]
A_23_P369343	0,18	0,25	0,06	0,00001	KLK8	NM_144505	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 8 (KLK8), transcript variant 2, mRNA [NM_144505]
A_23_P15174	0,16	0,23	0,19	0,00059	MT1F	NM_005949	Homo sapiens metallothionein 1F (MT1F), mRNA [NM_005949]
A_23_P91230	0,16	0,34	0,09	0,00001	SLPI	NM_003064	Homo sapiens secretory leukocyte peptidase inhibitor (SLPI), mRNA [NM_003064]
A_23_P170649	0,15	0,23	0,07	0,00002	RPESP	NM_153225	Homo sapiens RPE-spondin (RPESP), mRNA [NM_153225]
A_23_P99642	0,15	0,17	0,16	0,00001	SLC7A7	NM_003982	Homo sapiens solute carrier family 7 (cationic amino acid transporter, y+ system), member 7 (SLC7A7), mRNA [NM_003982]
A_23_P73501	0,15	0,25	0,14	0,00005	SPANXD	NM_032417	Homo sapiens SPANX family, member D (SPANXD), mRNA [NM_032417]
A_23_P113793	0,15	0,18	0,16	0,00017	ZBED2	NM_024508	Homo sapiens zinc finger, BED-type containing 2 (ZBED2), mRNA [NM_024508]
A_23_P18078	0,14	0,24	0,10	0,00004	RARRES1	NM_002888	Homo sapiens retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 1 (RARRES1), transcript variant 2, mRNA [NM_002888]
A_23_P316410	0,14	0,22	0,16	0,00000	NOX1	NM_013954	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1S, mRNA [NM_013954]
A_23_P304921	0,14	0,14	0,10	0,00000	NOX1	NM_013955	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1Lv, mRNA [NM_013955]
A_23_P217280	0,14	0,16	0,14	0,00000	NOX1	NM_007052	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1L, mRNA [NM_007052]
A_23_P167129	0,13	0,17	0,06	0,00000	HHIP	NM_022475	Homo sapiens hedgehog interacting protein (HHIP), mRNA [NM_022475]
A_23_P26865	0,12	0,13	0,14	0,00012	MYH3	NM_002470	Homo sapiens myosin, heavy chain 3, skeletal muscle, embryonic (MYH3), mRNA [NM_002470]
A_24_P305784	0,12	0,20	0,12	0,00006	SPANXB2	NM_145664	Homo sapiens SPANX family, member B2 (SPANXB2), mRNA [NM_145664]
A_23_P91390	0,11	0,10	0,06	0,00000	THBD	NM_000361	Homo sapiens thrombomodulin (THBD), mRNA [NM_000361]
A_24_P52597	0,11	0,15	0,14	0,00000	CYP17A1	NM_000102	Homo sapiens cytochrome P450, family 17, subfamily A, polypeptide 1 (CYP17A1), mRNA [NM_000102]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epitelioide	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_32_P107617	0,11	0,15	0,08	0,00000	SFTPD	NM_003019	Homo sapiens surfactant, pulmonary-associated protein D (SFTPD), mRNA [NM_003019]
A_23_P206359	0,10	0,17	0,09	0,00003	CDH1	NM_004360	Homo sapiens cadherin 1, type 1, E-cadherin (epithelial) (CDH1), mRNA [NM_004360]
A_24_P200219	0,10	0,14	0,16	0,00001	UPK1B	NM_006952	Homo sapiens uroplakin 1B (UPK1B), mRNA [NM_006952]
A_32_P231617	0,10	0,16	0,23	0,00034	TM4SF1	NM_014220	Homo sapiens transmembrane 4 L six family member 1 (TM4SF1), mRNA [NM_014220]
A_23_P206760	0,09	0,19	0,08	0,00000	HP	NM_005143	Homo sapiens haptoglobin (HP), mRNA [NM_005143]
A_23_P65618	0,06	0,08	0,05	0,00000	TGM1	NM_000359	Homo sapiens transglutaminase 1 (K polypeptide epidermal type I, protein-glutamine-gamma-glutamyltransferase) (TGM1), mRNA [NM_000359]
A_23_P160286	0,05	0,07	0,03	0,00007	PRG4	NM_005807	Homo sapiens proteoglycan 4 (PRG4), mRNA [NM_005807]
A_23_P39056	0,04	0,06	0,03	0,00000	KLK7	NM_005046	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 7 (KLK7), transcript variant 1, mRNA [NM_005046]

GENES REPRIMIDOS *IN VITRO*, FENOTIPO NO EPITELIOIDE Y
EPITELIOIDE

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epiteliode	FDR	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P203191	0,49	0,29	0,13	0,00000	0,11	0,00000	APOA1	NM_000039	Homo sapiens apolipoprotein A-I (APOA1), mRNA [NM_000039]
A_23_P348146	0,49	0,50	0,24	0,00005	0,49	0,00075	SLAIN1	NM_144595	Homo sapiens SLAIN motif family, member 1 (SLAIN1), transcript variant 2, mRNA [NM_144595]
A_23_P5200	0,49	0,33	0,13	0,00000	0,23	0,00004	NPHS1	NM_004646	Homo sapiens nephrosis 1, congenital, Finnish type (nephrosin) (NPHS1), mRNA [NM_004646]
A_23_P250212	0,48	0,42	0,24	0,00002	0,31	0,00010	DKFZp761P0423	ENST00000330777	Tyrosine-protein kinase Sgk223 (EC 2.7.10.2) (Sugen kinase 223). [Source:UniProt/SWISSPROT;Acc:Q86YV5] [ENST00000330777]
A_23_P170037	0,48	0,37	0,41	0,00008	0,45	0,00002	MID1	NM_033290	Homo sapiens midline 1 (Opitz/BBB syndrome) (MID1), transcript variant 3, mRNA [NM_033290]
A_23_P87346	0,47	0,48	0,20	0,00015	0,36	0,00024	HBD	NM_000519	Homo sapiens hemoglobin, delta (HBD), mRNA [NM_000519]
A_23_P214627	0,47	0,30	0,12	0,00000	0,43	0,00058	AIF1	NM_004847	Homo sapiens allograft inflammatory factor 1 (AIF1), transcript variant 2, mRNA [NM_004847]
A_23_P92042	0,45	0,47	0,44	0,00014	0,41	0,00035	ITPR1	NM_002222	Homo sapiens inositol 1,4,5-trisphosphate receptor, type 1 (ITPR1), mRNA [NM_002222]
A_23_P6822	0,45	0,49	0,30	0,00025	0,38	0,00020	ITIH3	NM_002217	Homo sapiens inter-alpha (globulin) inhibitor H3 (ITIH3), mRNA [NM_002217]
A_32_P13555	0,44	0,32	0,08	0,00000	0,14	0,00001	THC2687340	THC2687340	ALU6_HUMAN (P39193) Alu subfamily SP sequence contamination warning entry, partial (13%) [THC2687340]
A_24_P150023	0,44	0,34	0,24	0,00000	0,35	0,00001	KCNA4	NM_002233	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, shaker-related subfamily, member 4 (KCNA4), mRNA [NM_002233]
A_23_P107351	0,43	0,28	0,34	0,00001	0,37	0,00002	NLRP1	BC051787	Homo sapiens NLR family, pyrin domain containing 1, mRNA (cDNA clone MGC:57544 IMAGE:5756099), complete cds. [BC051787]
A_23_P138706	0,42	0,38	0,21	0,00000	0,20	0,00003	ADRA2A	NM_000681	Homo sapiens adrenergic, alpha-2A-, receptor (ADRA2A), mRNA [NM_000681]
A_23_P128084	0,42	0,36	0,26	0,00186	0,50	0,00254	ITGA7	NM_002206	Homo sapiens integrin, alpha 7 (ITGA7), mRNA [NM_002206]
A_23_P214944	0,41	0,47	0,26	0,00000	0,46	0,00000	ALDH8A1	NM_022568	Homo sapiens aldehyde dehydrogenase 8 family, member A1 (ALDH8A1), transcript variant 1, mRNA [NM_022568]
A_23_P201319	0,41	0,46	0,46	0,00025	0,49	0,00013	DISP1	NM_032890	Homo sapiens dispatched homolog 1 (Drosophila) (DISP1), mRNA [NM_032890]
A_23_P156687	0,41	0,28	0,12	0,00001	0,45	0,00562	CFB	NM_001710	Homo sapiens complement factor B (CFB), mRNA [NM_001710]
A_24_P112160	0,41	0,15	0,15	0,00000	0,48	0,00108	UPK3B	NM_030570	Homo sapiens uroplakin 3B (UPK3B), transcript variant 1, mRNA [NM_030570]
A_23_P139527	0,41	0,34	0,39	0,00000	0,45	0,00001	HPD	NM_002150	Homo sapiens 4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase (HPD), mRNA [NM_002150]
A_23_P80162	0,40	0,48	0,21	0,00001	0,43	0,00188	TMPRSS3	NM_032405	Homo sapiens transmembrane protease, serine 3 (TMPRSS3), transcript variant D, mRNA [NM_032405]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epiteliode	FDR	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P131676	0,40	0,44	0,26	0,00005	0,46	0,00496	CXCR7	NM_020311	Homo sapiens chemokine (C-X-C motif) receptor 7 (CXCR7), transcript variant 2, mRNA [NM_020311]
A_23_P120863	0,39	0,41	0,29	0,00005	0,42	0,00049	GAL3ST1	NM_004861	Homo sapiens galactose-3-O-sulfotransferase 1 (GAL3ST1), mRNA [NM_004861]
A_23_P5211	0,37	0,32	0,18	0,00000	0,45	0,00181	MUC16	NM_024690	Homo sapiens mucin 16, cell surface associated (MUC16), mRNA [NM_024690]
A_23_P101505	0,37	0,30	0,11	0,00003	0,47	0,00121	KLK11	NM_144947	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 11 (KLK11), transcript variant 2, mRNA [NM_144947]
A_23_P96285	0,36	0,42	0,31	0,00001	0,44	0,00044	REEP1	NM_022912	Homo sapiens receptor accessory protein 1 (REEP1), mRNA [NM_022912]
A_23_P60130	0,36	0,35	0,16	0,00001	0,16	0,00001	MAL2	NM_052886	Homo sapiens mal, T-cell differentiation protein 2 (MAL2), mRNA [NM_052886]
A_23_P161280	0,36	0,37	0,12	0,00000	0,18	0,00000	SPOCK2	NM_014767	Homo sapiens sparc/osteonectin, cwcv and kazal-like domains proteoglycan (testican) 2 (SPOCK2), mRNA [NM_014767]
A_23_P421493	0,36	0,46	0,15	0,00000	0,28	0,00009	HPR	NM_020995	Homo sapiens haptoglobin-related protein (HPR), mRNA [NM_020995]
A_24_P356916	0,34	0,44	0,29	0,00000	0,49	0,00035	SLC13A3	NM_001011554	Homo sapiens solute carrier family 13 (sodium-dependent dicarboxylate transporter), member 3 (SLC13A3), transcript variant 2, mRNA [NM_001011554]
A_23_P78099	0,34	0,26	0,16	0,00000	0,24	0,00006	VTN	NM_000638	Homo sapiens vitronectin (VTN), mRNA [NM_000638]
A_23_P97700	0,34	0,16	0,20	0,00001	0,13	0,00093	TXNIP	NM_006472	Homo sapiens thioredoxin interacting protein (TXNIP), mRNA [NM_006472]
A_23_P171074	0,34	0,40	0,14	0,00002	0,32	0,00100	ITM2A	NM_004867	Homo sapiens integral membrane protein 2A (ITM2A), mRNA [NM_004867]
A_23_P325690	0,33	0,47	0,46	0,00454	0,46	0,00044	ANKRD35	NM_144698	Homo sapiens ankyrin repeat domain 35 (ANKRD35), mRNA [NM_144698]
A_23_P3532	0,33	0,26	0,26	0,00000	0,48	0,00083	LITAF	NM_004862	Homo sapiens lipopolysaccharide-induced TNF factor (LITAF), mRNA [NM_004862]
A_23_P93442	0,32	0,31	0,19	0,00000	0,50	0,00019	SASH1	NM_015278	Homo sapiens SAM and SH3 domain containing 1 (SASH1), mRNA [NM_015278]
A_23_P319423	0,31	0,29	0,28	0,00011	0,45	0,00165	KCNK5	NM_003740	Homo sapiens potassium channel, subfamily K, member 5 (KCNK5), mRNA [NM_003740]
A_32_P190303	0,31	0,47	0,28	0,00003	0,47	0,00013	LONRF2	NM_198461	Homo sapiens LON peptidase N-terminal domain and ring finger 2 (LONRF2), mRNA [NM_198461]
A_23_P154037	0,31	0,30	0,41	0,00047	0,47	0,00168	AOX1	NM_001159	Homo sapiens aldehyde oxidase 1 (AOX1), mRNA [NM_001159]
A_23_P104798	0,30	0,43	0,27	0,00068	0,34	0,00007	IL18	NM_001562	Homo sapiens interleukin 18 (interferon-gamma-inducing factor) (IL18), mRNA [NM_001562]
A_23_P105803	0,30	0,26	0,18	0,00002	0,32	0,00147	FGF9	NM_002010	Homo sapiens fibroblast growth factor 9 (glia-activating factor) (FGF9), mRNA [NM_002010]
A_23_P114185	0,29	0,25	0,20	0,00000	0,31	0,00005	TSPAN7	NM_004615	Homo sapiens tetraspanin 7 (TSPAN7), mRNA [NM_004615]
A_23_P217570	0,27	0,29	0,18	0,00006	0,31	0,00065	CAPN6	NM_014289	Homo sapiens calpain 6 (CAPN6), mRNA [NM_014289]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epiteliode	FDR	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P208779	0,25	0,25	0,07	0,00000	0,22	0,00233	EPS8L1	NM_133180	Homo sapiens EPS8-like 1 (EPS8L1), transcript variant 1, mRNA [NM_133180]
A_24_P31627	0,25	0,29	0,09	0,00000	0,27	0,00027	KCNB1	NM_004975	Homo sapiens potassium voltage-gated channel, Shab-related subfamily, member 1 (KCNB1), mRNA [NM_004975]
A_23_P19754	0,24	0,24	0,15	0,00000	0,31	0,00031	CPA4	NM_016352	Homo sapiens carboxypeptidase A4 (CPA4), mRNA [NM_016352]
A_23_P153571	0,23	0,29	0,09	0,00000	0,12	0,00009	IGFL2	NM_001002915	Homo sapiens IGF-like family member 2 (IGFL2), mRNA [NM_001002915]
A_24_P555066	0,23	0,17	0,10	0,00000	0,22	0,00010	SMTNL2	NM_198501	Homo sapiens smoothen-like 2 (SMTNL2), mRNA [NM_198501]
A_23_P83134	0,23	0,20	0,19	0,00003	0,39	0,00028	GAS1	NM_002048	Homo sapiens growth arrest-specific 1 (GAS1), mRNA [NM_002048]
A_23_P500886	0,21	0,23	0,20	0,00000	0,38	0,00019	CLDN15	NM_014343	Homo sapiens claudin 15 (CLDN15), transcript variant 1, mRNA [NM_014343]
A_23_P153480	0,21	0,15	0,09	0,00000	0,15	0,00002	KLK5	NM_012427	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 5 (KLK5), transcript variant 1, mRNA [NM_012427]
A_23_P107911	0,21	0,21	0,15	0,00000	0,43	0,00067	KLK10	NM_002776	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 10 (KLK10), transcript variant 1, mRNA [NM_002776]
A_23_P146946	0,21	0,23	0,09	0,00000	0,11	0,00001	CST6	NM_001323	Homo sapiens cystatin E/M (CST6), mRNA [NM_001323]
A_23_P215060	0,20	0,13	0,14	0,00001	0,11	0,00059	PODXL	NM_005397	Homo sapiens podocalyxin-like (PODXL), transcript variant 2, mRNA [NM_005397]
A_23_P12082	0,20	0,26	0,14	0,00000	0,27	0,00000	CHI3L2	NM_004000	Homo sapiens chitinase 3-like 2 (CHI3L2), transcript variant 1, mRNA [NM_004000]
A_23_P217379	0,19	0,17	0,17	0,00059	0,45	0,00820	COL4A6	NM_033641	Homo sapiens collagen, type IV, alpha 6 (COL4A6), transcript variant B, mRNA [NM_033641]
A_23_P415706	0,19	0,16	0,16	0,00000	0,28	0,00014	ENST00000376682	ENST00000376682	Probable G-protein coupled receptor 133 precursor (G-protein coupled receptor PGR25), [Source:Uniprot/SWISSPROT;Acc:Q6QNK2] [ENST00000376682]
A_23_P369343	0,18	0,25	0,06	0,00001	0,19	0,00008	KLK8	NM_144505	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 8 (KLK8), transcript variant 2, mRNA [NM_144505]
A_23_P91230	0,16	0,34	0,09	0,00001	0,16	0,00001	SLPI	NM_003064	Homo sapiens secretory leukocyte peptidase inhibitor (SLPI), mRNA [NM_003064]
A_23_P73501	0,15	0,25	0,14	0,00005	0,31	0,00031	SPANXD	NM_032417	Homo sapiens SPANX family, member D (SPANXD), mRNA [NM_032417]
A_23_P113793	0,15	0,18	0,16	0,00017	0,21	0,00020	ZBED2	NM_024508	Homo sapiens zinc finger, BED-type containing 2 (ZBED2), mRNA [NM_024508]
A_23_P18078	0,14	0,24	0,10	0,00004	0,29	0,00012	RARRES1	NM_002888	Homo sapiens retinoic acid receptor responder (tazarotene induced) 1 (RARRES1), transcript variant 2, mRNA [NM_002888]
A_23_P316410	0,14	0,22	0,16	0,00000	0,35	0,00173	NOX1	NM_013954	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1S, mRNA [NM_013954]
A_23_P304921	0,14	0,14	0,10	0,00000	0,27	0,00044	NOX1	NM_013955	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1Lv, mRNA [NM_013955]

Nombre de la Sonda	Omento A	Omento C	Ratio No Epiteliode	FDR	Ratio Epiteliode	FDR	Símbolo del Gen	Nombre Sistemático	Descripción/Description
A_23_P217280	0,14	0,16	0,14	0,00000	0,31	0,00036	NOX1	NM_007052	Homo sapiens NADPH oxidase 1 (NOX1), transcript variant NOH-1L, mRNA [NM_007052]
A_23_P167129	0,13	0,17	0,06	0,00000	0,17	0,00012	HHIP	NM_022475	Homo sapiens hedgehog interacting protein (HHIP), mRNA [NM_022475]
A_23_P26865	0,12	0,13	0,14	0,00012	0,15	0,00008	MYH3	NM_002470	Homo sapiens myosin, heavy chain 3, skeletal muscle, embryonic (MYH3), mRNA [NM_002470]
A_24_P305784	0,12	0,20	0,12	0,00006	0,33	0,00095	SPANXB2	NM_145664	Homo sapiens SPANX family, member B2 (SPANXB2), mRNA [NM_145664]
A_23_P91390	0,11	0,10	0,06	0,00000	0,30	0,00714	THBD	NM_000361	Homo sapiens thrombomodulin (THBD), mRNA [NM_000361]
A_24_P52597	0,11	0,15	0,14	0,00000	0,14	0,00000	CYP17A1	NM_000102	Homo sapiens cytochrome P450, family 17, subfamily A, polypeptide 1 (CYP17A1), mRNA [NM_000102]
A_32_P107617	0,11	0,15	0,08	0,00000	0,15	0,00083	SFTPD	NM_003019	Homo sapiens surfactant, pulmonary-associated protein D (SFTPD), mRNA [NM_003019]
A_23_P206359	0,10	0,17	0,09	0,00003	0,39	0,00395	CDH1	NM_004360	Homo sapiens cadherin 1, type 1, E-cadherin (epithelial) (CDH1), mRNA [NM_004360]
A_24_P200219	0,10	0,14	0,16	0,00001	0,24	0,00003	UPK1B	NM_006952	Homo sapiens uroplakin 1B (UPK1B), mRNA [NM_006952]
A_32_P231617	0,10	0,16	0,23	0,00034	0,32	0,00063	TM4SF1	NM_014220	Homo sapiens transmembrane 4 L six family member 1 (TM4SF1), mRNA [NM_014220]
A_23_P206760	0,09	0,19	0,08	0,00000	0,24	0,00018	HP	NM_005143	Homo sapiens haptoglobin (HP), mRNA [NM_005143]
A_23_P65618	0,06	0,08	0,05	0,00000	0,09	0,00011	TGM1	NM_000359	Homo sapiens transglutaminase 1 (K polypeptide epidermal type I, protein-glutamine-gamma-glutamyltransferase) (TGM1), mRNA [NM_000359]
A_23_P39056	0,04	0,06	0,03	0,00000	0,09	0,00003	KLK7	NM_005046	Homo sapiens kallikrein-related peptidase 7 (KLK7), transcript variant 1, mRNA [NM_005046]

ANEXO 3:

Publicaciones científicas

Blocking TGF- β 1 Protects the Peritoneal Membrane from Dialysate-Induced Damage

Jesús Loureiro,* Abelardo Aguilera,* Rafael Selgas,[†] Pilar Sandoval,* Patricia Albar-Vizcaíno,* María Luisa Pérez-Lozano,* Vicente Ruiz-Carpio,* Pedro L. Majano,*[‡] Santiago Lamas,[§] Fernando Rodríguez-Pascual,[§] Francisco Borrás-Cuesta,^{||} Javier Dotor,[¶] and Manuel López-Cabrera*^{‡§}

*Unidad de Biología Molecular and Servicio de Nefrología, Hospital Universitario de la Princesa, Instituto de Investigación Sanitaria Princesa (IP), Madrid, Spain; [†]Servicio de Nefrología, Hospital Universitario La Paz, Instituto de Investigación Sanitaria la Paz (IdiPAZ), Madrid, Spain; [‡]CIBERehd, Instituto de Salud Carlos III, Madrid, Spain; [§]Centro de Biología Molecular-Severo Ochoa, CSIC-UAM, Cantoblanco, Madrid, Spain; ^{||}Centro de Investigación Médica Aplicada (CIMA), Area de Terapia Génica y Hepatología, Universidad de Navarra, Pamplona, Spain; and [¶]Digna Biotech, Madrid, Spain

ABSTRACT

During peritoneal dialysis (PD), mesothelial cells undergo mesothelial-to-mesenchymal transition (MMT), a process associated with peritoneal-membrane dysfunction. Because TGF- β 1 can induce MMT, we evaluated the efficacy of TGF- β 1-blocking peptides in modulating MMT and ameliorating peritoneal damage in a mouse model of PD. Exposure of the peritoneum to PD fluid induced fibrosis, angiogenesis, functional impairment, and the accumulation of fibroblasts. In addition to expressing fibroblast-specific protein-1 (FSP-1), some fibroblasts co-expressed cytokeratin, indicating their mesothelial origin. These intermediate-phenotype (Cyto⁺/FSP-1⁺) fibroblasts had features of myofibroblasts with fibrogenic capacity. PD fluid treatment triggered the appearance of CD31⁺/FSP-1⁺ and CD45⁺/FSP-1⁺ cells, suggesting that fibroblasts also originate from endothelial cells and from cells recruited from bone marrow. Administration of blocking peptides significantly ameliorated fibrosis and angiogenesis, improved peritoneal function, and reduced the number of FSP-1⁺ cells, especially in the Cyto⁺/FSP-1⁺ subpopulation. Conversely, overexpression of TGF- β 1 in the peritoneum by adenovirus-mediated gene transfer led to a marked accumulation of fibroblasts, most of which derived from the mesothelium. Taken together, these results demonstrate that TGF- β 1 drives the peritoneal deterioration induced by dialysis fluid and highlights a role of TGF- β 1-mediated MMT in the pathophysiology of peritoneal-membrane dysfunction.

J Am Soc Nephrol 22: 1682–1695, 2011. doi: 10.1681/ASN.2010111197

Peritoneal dialysis (PD) is an alternative treatment of end-stage renal disease and is based on the use of the peritoneum as a semipermeable membrane across which ultrafiltration and diffusion take place.^{1,2} Exposure to nonphysiologic PD solutions and episodes of infection cause damage to the peritoneal membrane, which undergoes submesothelial fibrosis, angiogenesis, and hyalinizing vasculopathy.^{3–8} These morphologic alterations are associated with increased rates of small-solute transport and with ultrafiltration dysfunction of the peritoneal membrane.^{3,5–8} Inflammatory cells and pathologic fibroblasts, especially myofi-

broblasts, are considered to be mainly responsible for peritoneal membrane deterioration during long-term PD.^{3,9,10} Peritoneal myofibroblasts may have at least a

Received November 24, 2010. Accepted April 8, 2011.

Published online ahead of print. Publication date available at www.jasn.org.

Correspondence: Dr. Manuel López-Cabrera. Unidad de Biología Molecular, Hospital Universitario de la Princesa, C/ Diego de León n° 62, 28006, Madrid, Spain. Phone: 34-91-5202334; Fax: 34-91-5202374; E-mail: mlopez.hlpr@salud.madrid.org

Copyright © 2011 by the American Society of Nephrology

Carcinoma-associated fibroblasts derive from mesothelial cells via mesothelial-to-mesenchymal transition in peritoneal metastasis

Pilar Sandoval,¹ Jose Antonio Jiménez-Heffernan,² Ángela Rynne-Vidal,¹ María Luisa Pérez-Lozano,¹ Álvaro Gilsanz,¹ Vicente Ruiz-Carpio,¹ Raquel Reyes,¹ Julio García-Bordas,³ Konstantinos Stamatakis,¹ Javier Dotor,⁴ Pedro L Majano,⁵ Manuel Fresno,¹ Carlos Cabañas¹ and Manuel López-Cabrera^{1*}

¹ Centro de Biología Molecular-Severo Ochoa, CSIC–UAM, Cantoblanco, Madrid, Spain

² Servicio de Anatomía Patológica, Hospital Universitario de la Princesa, Instituto de Investigación Sanitaria Princesa (IP), Madrid, Spain

³ Servicio Microscopía Electrónica, Anatomía Patológica, Hospital General Universitario Gregorio Marañón, Madrid, Spain

⁴ Digna Biotech, Madrid, Spain

⁵ Unidad de Biología Molecular, Hospital Universitario de la Princesa, Instituto de Investigación Sanitaria Princesa (IP), Madrid, Spain

*Correspondence to: M López-Cabrera, Centro de Biología Molecular Severo Ochoa, CSIC-UAM, C/Nicolás Cabrera 1, 28049 Madrid, Spain.
E-mail: mlcabrera@cbm.uam.es

Abstract

Peritoneal dissemination is a frequent metastatic route for cancers of the ovary and gastrointestinal tract. Tumour cells metastasize by attaching to and invading through the mesothelial cell (MC) monolayer that lines the peritoneal cavity. Metastases are influenced by carcinoma-associated fibroblasts (CAFs), a cell population that derives from different sources. Hence, we investigated whether MCs, through mesothelial–mesenchymal transition (MMT), were a source of CAFs during peritoneal carcinomatosis and whether MMT affected the adhesion and invasion of tumour cells. Biopsies from patients with peritoneal dissemination revealed the presence of myofibroblasts expressing mesothelial markers in the proximity of carcinoma implants. Prominent new vessel formation was observed in the peritoneal areas harbouring tumour cells when compared with tumour-free regions. The use of a mouse model of peritoneal dissemination confirmed the myofibroblast conversion of MCs and the increase in angiogenesis at places of tumour implants. Treatment of omentum MCs with conditioned media from carcinoma cell cultures resulted in phenotype changes reminiscent of MMT. Adhesion experiments demonstrated that MMT enhanced the binding of cancer cells to MCs in a $\beta 1$ -integrin-dependent manner. Scanning electron microscopy imaging showed that the enhanced adhesion was mostly due to increased cell–cell interaction and not to a mere matrix exposure. Invasion assays suggested a reciprocal stimulation of the invasive capacity of tumour cells and MCs. Our results demonstrate that CAFs can derive from mesothelial cells during peritoneal metastasis. We suggest that MMT renders the peritoneum more receptive for tumour cell attachment/invasion and contributes to secondary tumour growth by promoting its vascularization.

Copyright © 2013 Pathological Society of Great Britain and Ireland. Published by John Wiley & Sons, Ltd.

Keywords: carcinoma-associated fibroblasts; mesothelial cells; mesothelial-to-mesenchymal transition; peritoneal metastasis

Received 4 April 2013; Revised 20 September 2013; Accepted 24 September 2013

No conflicts of interest were declared.

Introduction

Tumours originating adjacent to the peritoneal cavity, such as ovarian or colorectal cancers, frequently disseminate via a trans-coelomic route to develop peritoneal metastases, which evolve very rapidly and correlate with poor prognosis [1,2]. Surgery is inefficient to render patients free of disease, resulting in low survival rates [3,4]. In peritoneal metastasis, cancer cells detached from the primary tumour are transported by peritoneal fluid and spread locally to colonize the peritoneum [1,2]. The organization of the peritoneum is simple; a single layer of mesothelial cells (MCs) lines a compact region that is composed of connective tissue with a few fibroblasts, mast cells, macrophages

and vessels. MCs may acquire a myofibroblast-like phenotype, through an epithelial–mesenchymal transition (EMT)-like process, during inflammatory and repair responses, e.g. peritoneal damage induced by dialysis fluid [5,6]. MCs share characteristics with both epithelial and endothelial cells, which may undergo EMT and endothelial–mesenchymal transition (EndMT), respectively. Thus, it has been proposed to rename the myofibroblast conversion of MCs that takes place in different organs with a more appropriate term: mesothelial–mesenchymal transition (MMT) [7–11]. MMT is characterized by an increase in the invasive capacity of MCs, which allows them to invade the peritoneal compact zone. Mesenchymal MCs acquire the capacity to synthesize inflammatory